

Attachments of #20



(19) **BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND**



**DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT**

(12) **Offenlegungsschrift**
(10) **DE 198 18 620 A 1**

(21) Aktenzeichen: 198 18 620.7
(22) Anmeldetag: 21. 4. 98
(43) Offenlegungstag: 28. 10. 99

(51) Int. Cl.⁶:
C 07 K 16/00
C 07 K 14/435
A 61 K 38/17
C 07 H 21/04
C 12 N 15/11
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
// (C12N 1/21,C12R
1:19)G01N 33/68,
33/15

DE 198 18 620 A 1

(71) Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

(74) Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

(72) Erfinder:
Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

(54) **Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blase-Normal**

(57) Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Blasenor-
malgewebe, die für die Genprodukte oder Teile davon ko-
dieren, und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 18 620 A 1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasennormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasen tumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-127 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasen tumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 24-127.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 24-127.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 24-127 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, die im Blasen normalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1-127 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-127 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrec99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte

Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die expri- 10

miert wird. Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tieri- 15

sche oder humane Zellen oder Hefen. Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biolo- 20

gisch aktiven Polypeptids kodieren. Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 128-390.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF ID Nos. 128-390 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 127 kodiert werden. 25

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 128-390 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden können. 30

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasen-tumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen-tumor. 35

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF ID No. 128-390 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-127, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern. 40

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-127 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5). 45

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer. 50

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständigen cDNA und genomische Gene (Chromosomen). 55

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus) 60

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich 65

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebs ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 1 gefunden, die 12,2 .x stärker im normalen Blasengewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0312 | 0.0026 | 12.203 | 0.0819 | 5 |
| Brust | 0.0064 | 0.0056 | 1.1342 | 0.8817 | |
| Duennndarm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0156 | 0.3838 | 2.6058 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0201 | 0.3396 | 2.9444 | |
| Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0111 | 0.0226 | 0.4909 | 2.0372 | |
| Haematopoetisch | 0.0107 | 0.0379 | 0.2823 | 3.5422 | |
| Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0173 | 0.0234 | 0.7380 | 1.3551 | 15 |
| Lunge | 0.0083 | 0.0184 | 0.4516 | 2.2144 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0230 | 0.0000 | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0120 | 0.9994 | 1.0006 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0274 | 0.2974 | 3.3626 | |
| Pankreas | 0.0083 | 0.0110 | 0.7479 | 1.3371 | 20 |
| Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0106 | 0.4095 | 2.4423 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0204 | 0.7482 | 1.3366 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0036 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoeperchen | 0.0139 | | | | 30 |
| Servix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0083 | | | | |
| Gehirn | 0.0063 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0157 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | | |
| Lunge | 0.0253 | | | | |
| Nebenniere | 0.0507 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0182 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0377 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_r | 0.0051 | | | | 55 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | |
| Foetal | 0.0035 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0171 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | | | | 60 |
| Hoden | 0.0077 | | | | |
| Lunge | 0.0082 | | | | |
| Nerven | 0.0090 | | | | |
| Prostata | 0.0068 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 65 |
| Uterus_n | 0.0042 | | | | |

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0741 | 0.0102 | 7.2459 | 0.1380 |
| | Brust | 0.0102 | 0.0038 | 2.7221 | 0.3674 |
| | Duendarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0046 | 0.8283 | 1.2072 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0021 | 0.3600 | 2.7779 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0052 | 0.0061 | 0.8467 | 1.1810 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0060 | 0.5711 | 1.7510 |
| | Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 |
| 20 | Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0267 | 0.4493 | 2.2259 |
| | Prostata | 0.0109 | 0.0064 | 1.7060 | 0.5862 |
| | Uterus Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0052 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0278 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 |
| 40 | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0036 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 |
| 45 | Placenta | 0.0061 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0032 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0010 |
| | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0042 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0585 | 0.0153 | 3.8136 | 0.2622 | 5 |
| Brust | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duenn darm | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef | |
| Endokrines Gewebe | 0.0204 | 0.0100 | 2.0377 | 0.4907 | |
| Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0046 | 1.6567 | 0.6036 | 10 |
| Gehirn | 0.0059 | 0.0092 | 0.6400 | 1.5626 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0085 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0173 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Lunge | 0.0104 | 0.0020 | 5.0803 | 0.1968 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0217 | 0.0068 | 3.1722 | 0.3152 | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0654 | 0.0362 | 1.8064 | 0.5536 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0204 | 0.3741 | 2.6732 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.1908 | 0.0000 | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0803 | | | | |
| Samenblase | 0.0178 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0106 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0139 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0083 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0124 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0128 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0162 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0164 | | | | |
| Nerven | 0.0050 | | | | |
| Prostata | 0.0205 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0333 | | | | 65 |

DE 198.18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0351 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0077 | 0.0075 | 1.0208 | 0.9796 | |
| Duennndarm | 0.0092 | 0.0165 | 0.5561 | 1.7982 | |
| Eierstock | 0.0150 | 0.0182 | 0.8223 | 1.2161 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0025 | 2.0377 | 0.4907 | |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0081 | 0.0072 | 1.1314 | 0.8839 | |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0037 | 0.2542 | 0.0144 | 69.2517 | |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 | |
| Herz | 0.0042 | 0.0275 | 0.1542 | 6.4853 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Lunge | 0.0042 | 0.0061 | 0.6774 | 1.4763 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0033 | 0.0110 | 0.2991 | 3.3428 | 20 |
| Penis | 0.0060 | 0.0267 | 0.2246 | 4.4517 | |
| Prostata | 0.0065 | 0.0085 | 0.7677 | 1.3026 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0043 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0106 | | | | |

| FOETUS | | | | | |
|-------------------|--------------|--|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0028 | | | | |
| Gehirn | 0.0125 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0118 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0108 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0251 | | | | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Brust | 0.0136 | | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.1595 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0152 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0105 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0114 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0259 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0164 | | | | |
| Nerven | 0.0120 | | | | |
| Prostata | 0.0205 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0077 | | | | |
| Uterus_n | 0.0167 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0390 | 0.0026 | 15.2544 | 0.0656 |
| | Brust | 0.0460 | 0.0056 | 8.1663 | 0.1225 |
| | Duennndarm | 0.0123 | 0.0331 | 0.3707 | 2.6973 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0050 | 2.3774 | 0.4206 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0052 | 0.0072 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0294 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0143 | 0.0065 | 2.2059 | 0.4533 |
| 15 | Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0240 | 0.4283 | 2.3347 |
| 20 | Niere | 0.0516 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0064 | 0.6824 | 1.4654 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0270 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0381 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.1087 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0319 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0557 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0498 |
| | Lunge | 0.0036 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0251 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0272 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0101 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0116 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0194 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0151 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0208 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

| | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0351 | | 0.0026 | | 13.7290 | 0.0728 | 5 |
| Brust | 0.0051 | | 0.0038 | | 1.3611 | 0.7347 | |
| Duennndarm | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0060 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0057 | | 0.0046 | | 1.2425 | 0.8048 | 10 |
| Gehirn | 0.0044 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0053 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0048 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Herz | 0.0021 | | 0.0137 | | 0.1542 | 6.4853 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | | 0.0117 | | 0.0000 | undef | |
| Lunge | 0.0021 | | 0.0020 | | 1.0161 | 0.9842 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | | 0.0055 | | 0.0000 | undef | 20 |
| Penis | 0.0030 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0044 | | 0.0021 | | 2.0473 | 0.4885 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0051 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | | | |
| FOETUS | | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | | |
| Gehirn | 0.0063 | | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | | | |
| Niere | 0.0062 | | | | | | 45 |
| Placenta | 0.0061 | | | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | | 55 |
| Foetal | 0.0047 | | | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | | | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | | | |
| Nerven | 0.0040 | | | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| Uterus_n | 0.0042 | | | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0234 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0051 | 0.4320 | 2.3149 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0041 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0043 | 1.5354 | 0.6513 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0139 |
| | Gastrointestin | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0032 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0040 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0273 | 0.0026 | 10.6781 | 0.0936 | 5 |
| Brust | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 | 0.7347 | |
| Duendarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0052 | 1.1513 | 0.8686 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0046 | 0.8283 | 1.2072 | 10 |
| Gehirn | 0.0037 | 0.0051 | 0.7200 | 1.3890 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0379 | 0.0000 | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef | 15 |
| Lunge | 0.0042 | 0.0020 | 2.0321 | 0.4921 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0060 | 0.8567 | 1.1673 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Penis | 0.0000 | 0.0267 | 0.0000 | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0085 | 0.0000 | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0052 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0061 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0101 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0490 | 55 |
| Foetal | 0.0017 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0114 | |
| Haut-Muskel | 0.0194 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0040 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0273 | 0.0051 | 5.3391 | 0.1873 |
| | Brust | 0.0115 | 0.0038 | 3.0624 | 0.3265 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0165 | 0.3707 | 2.6973 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0052 | 0.5756 | 1.7372 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0050 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0046 | 0.8283 | 1.2072 |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0041 | 0.8999 | 1.1112 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| | Lunge | 0.0042 | 0.0061 | 0.6774 | 1.4763 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0060 | 0.2856 | 3.5020 |
| | Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 |
| 20 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0087 | 0.0085 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0260 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0254 |
| 45 | Niere | 0.0124 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0249 |
| | Sinnesorgane | 0.0126 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0272 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0203 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0047 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0228 |
| | Haut-Muskel | 0.0130 |
| 60 | Hoden | 0.0077 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0080 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ: ID: NO: 11

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0195 | 0.0026 | 7.6272 | 0.1311 | 5 |
| Brust | 0.0051 | 0.0019 | 2.7221 | 0.3674 | |
| Duennndarm | 0.0123 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0030 | 0.0104 | 0.2878 | 3.4745 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0221 | 0.0226 | 0.9811 | 1.0192 | |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0231 | 0.2485 | 4.0241 | 10 |
| Gehirn | 0.0074 | 0.0082 | 0.8999 | 1.1112 | |
| Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0259 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0074 | 0.0137 | 0.5397 | 1.8529 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0062 | 0.0082 | 0.7621 | 1.3122 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0136 | 0.0137 | 0.9913 | 1.0088 | |
| Pankreas | 0.0066 | 0.0110 | 0.5983 | 1.6714 | 20 |
| Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0131 | 0.0043 | 3.0709 | 0.3256 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | | |
| Samenblase | 0.0178 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0106 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0056 | |
| Gehirn | 0.0125 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0072 | |
| Nebenniere | 0.0254 | |
| Niere | 0.0185 | 45 |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0099 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | 60 |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0100 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0077 | |
| Uterus_n | 0.0125 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0858 | 0.0358 | 2.3971 | 0.4172 |
| | Brust | 0.0435 | 0.0338 | 1.2854 | 0.7779 |
| | Duenn darm | 0.0276 | 0.0165 | 1.6683 | 0.5994 |
| | Eierstock | 0.0120 | 0.0182 | 0.6579 | 1.5201 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0290 | 0.0176 | 1.6496 | 0.6062 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0594 | 0.0231 | 2.5679 | 0.3894 |
| | Gehirn | 0.0333 | 0.0657 | 0.5062 | 1.9754 |
| | Haematopoetisch | 0.0134 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0514 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0381 | 0.0129 | 2.9412 | 0.3400 |
| 15 | Herz | 0.0413 | 0.0275 | 1.5034 | 0.6652 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0384 | 0.0164 | 2.3497 | 0.4256 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0290 | 0.0307 | 0.9454 | 1.0578 |
| | Muskel-Skelett | 0.0188 | 0.0360 | 0.5235 | 1.9102 |
| 20 | Niere | 0.0217 | 0.0548 | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0132 | 0.0166 | 0.7977 | 1.2536 |
| | Penis | 0.0779 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0632 | 0.0447 | 1.4136 | 0.7074 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0068 | 3.3668 | 0.2970 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0306 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0416 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0595 | | | |
| | Samenblase | 0.0712 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0087 | | | |
| | Zervix | 0.0426 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0250 |
| | Gehirn | 0.0063 |
| | Haematopoetisch | 0.0118 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0108 |
| | Nebenniere | 0.1014 |
| 45 | Niere | 0.0185 |
| | Placenta | 0.0242 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0628 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.1293 |
| | Eierstock_n | 0.1595 |
| | Eierstock_t | 0.0101 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0490 |
| | Foetal | 0.0338 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0162 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0301 |
| | Prostata | 0.0410 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0624 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|----|
| | | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0468 | 0.0077 | 6.1018 | 0.1639 | 5 |
| Brust | 0.0294 | 0.0075 | 3.9130 | 0.2556 | |
| Duennndarm | 0.0184 | 0.0165 | 1.1122 | 0.8991 | |
| Eierstock | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0050 | 1.6981 | 0.5889 | |
| Gastrointestinal | 0.0192 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0059 | 0.0062 | 0.9599 | 1.0417 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0808 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0540 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0156 | 0.0082 | 1.9051 | 0.5249 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0077 | 2.5211 | 0.3967 | |
| Muskel-Skelett | 0.1216 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0274 | 0.0000 | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef | |
| Penis | 0.1587 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0087 | 0.0106 | 0.8189 | 1.2211 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0338 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0457 | 0.0272 | 1.6834 | 0.5940 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0357 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0160 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0208 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | | |
| Zervix | 0.0426 | | | | |

| FOETUS | | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0167 | |
| Gehirn | 0.0063 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0249 | |
| Lunge | 0.0108 | |
| Nebenniere | 0.0254 | |
| Niere | 0.0062 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0249 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | |
|-------------------------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0029 | |
| Gastrointestinal | 0.0244 | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0032 | |
| Hoden | 0.0309 | |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0090 | 60 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0077 | |
| Uterus_n | 0.0208 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0351 | 0.0026 | 13.7290 | 0.0728 |
| | Brust | 0.0102 | 0.0075 | 1.3611 | 0.7347 |
| | Duennndarm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0026 | 3.4538 | 0.2895 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0025 | 2.0377 | 0.4907 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 |
| 15 | Herz | 0.0233 | 0.0137 | 1.6961 | 0.5896 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0135 | 0.0041 | 3.3022 | 0.3028 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0193 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0634 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0359 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0218 | 0.0043 | 5.1181 | 0.1954 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0139 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0507 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0136 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0029 |
| | Gastrointestinal | 0.0244 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0181 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0583 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ-ID. NO: 15

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|----|
| | | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.1209 | 0.0383 | 3.1526 | 0.3172 | 5 |
| Brust | 0.0333 | 0.0338 | 0.9830 | 1.0173 | |
| Duennndarm | 0.0215 | 0.0662 | 0.3244 | 3.0827 | |
| Eierstock | 0.0180 | 0.0234 | 0.7675 | 1.3029 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0460 | 0.0802 | 0.5731 | 1.7448 | |
| Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0231 | 0.4142 | 2.4145 | 10 |
| Gehirn | 0.1464 | 0.2382 | 0.6144 | 1.6275 | |
| Haematopoetisch | 0.0174 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0551 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0904 | 0.2006 | 0.4507 | 2.2189 | |
| Herz | 0.0307 | 0.1924 | 0.1597 | 6.2617 | 15 |
| Hoden | 0.0345 | 0.0234 | 1.4759 | 0.6775 | |
| Lunge | 0.0177 | 0.0286 | 0.6169 | 1.6210 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0193 | 0.0460 | 0.4202 | 2.3799 | |
| Muskel-Skelett | 0.0891 | 0.0240 | 3.7122 | 0.2694 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0411 | 0.1983 | 5.0439 | 20 |
| Pankreas | 0.0248 | 0.0331 | 0.7479 | 1.3371 | |
| Penis | 0.0689 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0327 | 0.0106 | 3.0709 | 0.3256 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0270 | 0.1583 | 0.1707 | 5.8579 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0408 | 0.3741 | 2.6732 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0866 | 0.0954 | 0.9074 | 1.1021 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0288 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0386 | | | | |
| Samenblase | 0.4183 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0588 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0426 | | | | |

| FOETUS | | | | | |
|-------------------|--------------|--|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0111 | | | | |
| Gehirn | 0.0063 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | 40 |
| Herz/Blutgefuesse | 0.0071 | | | | |
| Lunge | 0.0108 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0185 | | | | |
| Placenta | 0.0242 | | | | 45 |
| Prostata | 0.1247 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Brust | 0.0000 | | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | |
| Foetal | 0.0012 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0244 | | | | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0057 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0164 | | | | |
| Nerven | 0.0100 | | | | 60 |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0125 | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0390 | 0.0051 | 7.6272 | 0.1311 |
| | Brust | 0.0141 | 0.0075 | 1.8715 | 0.5343 |
| | Duennndarm | 0.0215 | 0.0165 | 1.2976 | 0.7707 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0078 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0170 | 0.0577 | 0.2953 | 3.3861 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0172 | 0.0324 | 0.5325 | 1.8779 |
| | Gehirn | 0.1294 | 0.0318 | 4.0643 | 0.2460 |
| | Haematopoetisch | 0.0094 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0138 | 0.0275 | 0.5011 | 1.9955 |
| | Hoden | 0.0230 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0166 | 0.0164 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0290 | 0.0077 | 3.7816 | 0.2644 |
| | Muskel-Skelett | 0.0240 | 0.0120 | 1.9989 | 0.5003 |
| 20 | Niere | 0.0163 | 0.0137 | 1.1896 | 0.8406 |
| | Pankreas | 0.0099 | 0.0055 | 1.7949 | 0.5571 |
| | Penis | 0.0539 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0174 | 0.0128 | 1.3648 | 0.7327 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0068 | 2.2445 | 0.4455 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0588 | | | |
| 30 | Weisse_Elutkoerperchen | 0.0173 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0083 |
| | Gehirn | 0.1376 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 |
| | Lunge | 0.0253 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0121 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0126 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0093 |
| | Gastrointestinal | 0.0244 |
| | Haematopoetisch | 0.0399 |
| | Haut-Muskel | 0.0097 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0442 |
| | Prostata | 0.0274 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0273 | 0.0026 | 10.6781 | 0.0936 | 5 |
| Brust | 0.0307 | 0.0038 | 8.1663 | 0.1225 | |
| Duennndarm | 0.0061 | 0.0165 | 0.3707 | 2.6973 | |
| Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0249 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0015 | 0.0010 | 1.4399 | 0.6945 | |
| Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0367 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0148 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Lunge | 0.0062 | 0.0020 | 3.0482 | 0.3281 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0274 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0120 | 0.0267 | 0.4493 | 2.2259 | |
| Prostata | 0.0087 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0288 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0106 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0111 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0062 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 50 |
| Brust | 0.0204 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0051 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0047 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0083 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0585 | 0.0230 | 2.5424 | 0.3933 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenn darm | 0.0368 | 0.0165 | 2.2244 | 0.4496 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0025 | 2.0377 | 0.4907 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0115 | 0.0046 | 2.4850 | 0.4024 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0031 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0509 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0218 | 0.0149 | 1.4623 | 0.6838 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0543 | 0.4208 | 2.3761 |
| | Uterus_allgemein | 0.0407 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0356 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0108 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0052 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0030 |
| | Prostata | 0.0137 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|------------------------|-------------------------------------|--------------|----------------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T T/N | |
| Blase | 0.0390 | 0.0128 | 3.0509 0.3278 | 5 |
| Brust | 0.0153 | 0.0094 | 1.6333 0.6123 | |
| Duennndarm | 0.0184 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0090 | 0.0026 | 3.4538 0.2895 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0075 | 0.0000 undef | |
| Gastrointestinal | 0.0230 | 0.0093 | 2.4850 0.4024 | 10 |
| Gehirn | 0.0052 | 0.0072 | 0.7200 1.3890 | |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0143 | 0.0259 | 0.5515 1.8133 | |
| Herz | 0.0106 | 0.0137 | 0.7710 1.2971 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Lunge | 0.0042 | 0.0020 | 2.0321 0.4921 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0870 | 0.0153 | 5.6724 0.1763 | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 2.5219 | 20 |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0607 | 0.0272 36.7712 | |
| Penis | 0.0419 | 0.0800 | 0.5241 1.9079 | |
| Prostata | 0.0392 | 0.0298 | 1.3161 0.7598 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0473 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0136 | 1.6834 0.5940 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0069 | | | |
| Zervix | 0.0106 | | | |
| | | | | |
| | FOETUS | | | 35 |
| | %Haeufigkeit | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0167 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | | | 40 |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| Lunge | 0.0145 | | | |
| Nebenniere | 0.0254 | | | |
| Niere | 0.0000 | | | 45 |
| Placenta | 0.0061 | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | 50 |
| | %Haeufigkeit | | | |
| Brust | 0.0408 | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0203 | | | 55 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| Foetal | 0.0099 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0389 | | | 60 |
| Hoden | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0246 | | | |
| Nerven | 0.0070 | | | |
| Prostata | 0.0068 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0077 | | | 65 |
| Uterus_n | 0.0333 | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0429 | 0.0153 | 2.7966 | 0.3576 |
| | Brust | 0.0141 | 0.0282 | 0.4991 | 2.0038 |
| | Duenn darm | 0.0307 | 0.0165 | 1.8537 | 0.5395 |
| | Eierstock | 0.0300 | 0.0390 | 0.7675 | 1.3029 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0409 | 0.0176 | 2.3288 | 0.4294 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0230 | 0.0139 | 1.6567 | 0.6036 |
| | Gehirn | 0.0200 | 0.0298 | 0.6703 | 1.4919 |
| | Haematopoetisch | 0.0160 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0257 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0143 | 0.0259 | 0.5515 | 1.8133 |
| 15 | Herz | 0.0339 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0288 | 0.0234 | 1.2299 | 0.8130 |
| | Lunge | 0.0270 | 0.0409 | 0.6604 | 1.5141 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0483 | 0.0230 | 2.1009 | 0.4760 |
| | Muskel-Skelett | 0.0394 | 0.0240 | 1.6419 | 0.6090 |
| | Niere | 0.0244 | 0.0205 | 1.1896 | 0.8406 |
| 20 | Pankreas | 0.0198 | 0.0276 | 0.7180 | 1.3928 |
| | Penis | 0.0359 | 0.0533 | 0.6739 | 1.4839 |
| | Prostata | 0.0305 | 0.0255 | 1.1942 | 0.8374 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0270 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0534 | 0.0272 | 1.9640 | 0.5092 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0954 | 0.0534 | 18.7357 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0384 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0595 | | | |
| | Samenblase | 0.0267 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0286 | | | |
| | Zervix | 0.0426 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0222 |
| | Gehirn | 0.0063 |
| | Haematopoetisch | 0.0079 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0285 |
| | Lunge | 0.0470 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0247 |
| | Placenta | 0.0121 |
| | Prostata | 0.0249 |
| | Sinnesorgane | 0.0377 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0051 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0244 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0065 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0080 |
| | Prostata | 0.0205 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0250 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|----|
| | | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 | 0.7347 | |
| Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 | undef | 10 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0150 | 0.2264 | 4.4166 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0139 | 0.0000 | undef | |
| Gehirn | 0.0177 | 0.0031 | 5.7597 | 0.1736 | 15 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Herz | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef | |
| Lunge | 0.0031 | 0.0123 | 0.2540 | 3.9367 | 25 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 | 30 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef | 35 |
| Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 40 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 45 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | 50 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 55 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 60 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 65 |
| | | | | | |
| | | | | | |

FOETUS
%Haeufigkeit

| | | | | | |
|-------------------|--------|--|--|--|----|
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | 40 |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 45 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0142 | | | | |
| Lunge | 0.0036 | | | | 50 |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | |
| Placenta | 0.0061 | | | | 55 |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

| | | | | | |
|-------------------|--------|--|--|--|----|
| Brust | 0.0000 | | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | 55 |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | |
| Foetal | 0.0012 | | | | 60 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | | | | 65 |
| Hoden | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0070 | | | | 70 |
| Prostata | 0.0068 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0125 | | | | 75 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0021 | 0.3600 | 2.7779 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0068 | 2.2445 | 0.4455 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0136 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0023 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

| | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0390 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | | 0.0019 | | 0.0000 | undef | |
| Duennndarm | 0.0153 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0030 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 10 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0115 | | 0.0046 | | 2.4850 | 0.4024 | |
| Gehirn | 0.0022 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 15 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Haut | 0.0037 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0048 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 20 |
| Herz | 0.0021 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0115 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 25 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 30 |
| Pankreas | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Penis | 0.0240 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0065 | | 0.0064 | | 1.0236 | 0.9769 | 35 |
| Uterus_Endometrium | 0.0338 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0229 | | 0.0475 | | 0.4810 | 2.0791 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 40 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | | | | |
| Samenblase | 0.0267 | | | | | | 45 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | | |
| Zervix | 0.0106 | | | | | | 50 |
| FOETUS | | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | | | 40 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | | 45 |
| Haut | 0.0000 | | | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | | | 50 |
| Lunge | 0.0000 | | | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | | | 55 |
| Placenta | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata | 0.0249 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | 60 |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | | | 55 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | | 60 |
| Foetal | 0.0006 | | | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | | 65 |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | | | 70 |
| Nerven | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata | 0.0068 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | 75 |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0351 | 0.0051 | 6.8645 | 0.1457 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0056 | 0.4537 | 2.2042 |
| | Duennndarm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0130 | 0.6908 | 1.4477 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0075 | 0.9057 | 1.1042 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0172 | 0.0139 | 1.2425 | 0.8048 |
| | Gehirn | 0.0044 | 0.0082 | 0.5400 | 1.8520 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0173 | 0.0117 | 1.4759 | 0.6775 |
| | Lunge | 0.0042 | 0.0143 | 0.2903 | 3.4446 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0060 | 1.4278 | 0.7004 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0205 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0110 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.0180 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0087 | 0.0128 | 0.6824 | 1.4654 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|----------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestenstinal | 0.0139 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0071 |
| | Lunge | 0.0036 |
| | Nebenniere | 0.0254 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0101 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0181 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0114 |
| | Haut-Muskel | 0.0130 |
| 60 | Hoden | 0.0154 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0060 |
| | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0416 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0234 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Elutkoeperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0028 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | 40 |
| Herz-Blutgefasse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Brust | 0.0000 | | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_r | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0429 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0026 | 1.1513 | 0.8686 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0043 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0139 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0260 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0171 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0042 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0312 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0090 | 0.0056 | 1.5879 | 0.6298 | |
| Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0052 | 1.1513 | 0.8686 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0075 | 0.4528 | 2.2083 | |
| Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0030 | 0.0051 | 0.5760 | 1.7362 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0290 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0065 | 0.0043 | 1.5354 | 0.6513 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0125 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0260 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0126 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0245 | 55 |
| Foetal | 0.0064 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0114 | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | |
| Hoden | 0.0154 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0050 | |
| Prostata | 0.0205 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0167 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0429 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0312 | 0.0051 | 6.1018 | 0.1639 | 5 |
| Brust | 0.0307 | 0.0019 | 16.3327 | 0.0612 | |
| Duenn darm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0075 | 0.0000 | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0093 | 0.6213 | 1.6096 | 10 |
| Gehirn | 0.0015 | 0.0062 | 0.2400 | 4.1669 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0095 | 0.0065 | 1.4706 | 0.6800 | |
| Herz | 0.0138 | 0.0412 | 0.3341 | 2.9932 | |
| Hoden | 0.0403 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Lunge | 0.0114 | 0.0061 | 1.8628 | 0.5368 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0153 | 1.2605 | 0.7933 | |
| Muskel-Skelett | 0.0274 | 0.0300 | 0.9138 | 1.0944 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0050 | 0.0331 | 0.1496 | 6.6857 | 20 |
| Penis | 0.0359 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 | |
| Uterus Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus Myometrium | 0.0686 | 0.0679 | 1.0100 | 0.9901 | |
| Uterus allgemein | 0.0458 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | | |
| Weisse Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0213 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0111 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | | |
| Lunge | 0.0036 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0124 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0061 | | | | |
| Prostata | 0.0249 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0051 | | | | |
| Endokrines Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0023 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0097 | | | | |
| Hoden | 0.0077 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0410 | | | | |
| Nerven | 0.0010 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0250 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0273 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duendarm 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata 0.0022 | 0.0021 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0059 | | | |
| | Samenblase 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0009 | | | |
| | Zervix 0.0000 | | | |

| | FOETUS |
|----|--------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0056 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| 40 | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| 45 | Niere 0.0000 |
| | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0041 |
| | Gastrointestinal 0.0122 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel 0.0000 |
| | Hoden 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0010 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| 65 | Uterus_n 0.0125 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0234 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duenndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0033 | 0.0055 | 0.5983 | 1.6714 | 25 |
| Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 35 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 40 |
| Gastrointestinal | 0.0028 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 45 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | | |
| Lunge | 0.0072 | | | | |
| Nebenniere | 0.0254 | | | | 50 |
| Niere | 0.0000 | | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0499 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 55 |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Brust | 0.0000 | | | | 60 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | |
| Foetal | 0.0012 | | | | 65 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 65 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 65 |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0234 | 0.0026 | 9.1527 | 0.1093 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0050 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0121 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0052 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0057 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0032 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0077 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0104 | 0.5756 | 1.7372 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0150 | 0.5660 | 1.7667 |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0139 | 0.1381 | 7.2434 |
| Gehirn | 0.0037 | 0.0010 | 3.5998 | 0.2778 |
| Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Hoden | 0.0173 | 0.0117 | 1.4759 | 0.6775 |
| Lunge | 0.0042 | 0.0061 | 0.6774 | 1.4763 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| Niere | 0.0109 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | |

| FOETUS | | | | |
|-------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Gehirn | 0.0063 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0000 | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Brust | 0.0000 | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | 55 |
| Foetal | 0.0023 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0130 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | 60 |
| Lunge | 0.0082 | | | |
| Nerven | 0.0070 | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Uterus_n | 0.0042 | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenn darm 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Pankreas 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Samenblase 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 | | | |
| | Zervix 0.0000 | | | |

| | FOETUS |
|----|--------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| 40 | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| 45 | Niere 0.0000 |
| | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0000 |
| 60 | Hoden 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| 65 | Uterus_n 0.0042 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|----|
| | | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0060 | 0.2856 | 3.5020 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| FOETUS | | | | | |
|-------------------|--------------|--|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Brust | 0.0000 | | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | |
| Foetal | 0.0035 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0032 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0020 | | | | 60 |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0310 | | | | |
| Uterus_n | 0.0042 | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brüst-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0038 | 0.0038 | 1.0208 | 0.9796 | |
| Duenndarm | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0090 | 0.0052 | 1.7269 | 0.5791 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0025 | 2.7170 | 0.3681 | |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0089 | 0.0144 | 0.6171 | 1.6205 | |
| Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0095 | 0.0065 | 1.4706 | 0.6800 | |
| Herz | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0135 | 0.0123 | 1.1007 | 0.9085 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0077 | 1.2605 | 0.7933 | |
| Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0120 | 0.2856 | 3.5020 | |
| Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0022 | 0.0149 | 0.1462 | 6.8384 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0136 | 0.5611 | 1.7821 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.1908 | 0.1334 | 7.4943 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0104 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0056 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0118 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | | |
| Lunge | 0.0108 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0062 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.1595 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0253 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0116 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0366 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0456 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0162 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0221 | | | | |
| Prostata | 0.0068 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0077 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northem für SEQ. ID. NO: 38

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0273 | 0.0051 | 5.3391 | 0.1873 |
| | Brust 0.0026 | 0.0075 | 0.3403 | 2.9389 |
| | Duennndarm 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0068 | 0.0125 | 0.5434 | 1.8403 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn 0.0081 | 0.0031 | 2.6399 | 0.3788 |
| | Haematopoetisch 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut 0.0257 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Herz 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge 0.0042 | 0.0102 | 0.4064 | 2.4605 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0069 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere 0.0136 | 0.0205 | 0.6609 | 1.5132 |
| 20 | Pankreas 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata 0.0109 | 0.0021 | 5.1181 | 0.1954 |
| | Uterus_Endometrium 0.0068 | 0.0528 | 0.1280 | 7.8106 |
| | Uterus_Myometrium 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Samenblase 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0235 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0009 | | | |
| | Zervix 0.0000 | | | |

| | FOETUS |
|----|--------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0056 |
| | Gehirn 0.0125 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| 40 | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0107 |
| | Lunge 0.0036 |
| | Nebenniere 0.0507 |
| 45 | Niere 0.0000 |
| | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0051 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0012 |
| | Gastrointestinal 0.0122 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0000 |
| 60 | Hoden 0.0000 |
| | Lunge 0.0164 |
| | Nerven 0.0070 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| 65 | Uterus_n 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 5 |
| Duendarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duendarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0050 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0031 | 0.2400 | 4.1669 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0041 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0056 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0072 |
| | Nebenniere | 0.0254 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0136 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0035 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0227 |
| | Hoden | 0.0077 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0050 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0077 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0234 | 0.0026 | 9.1527 | 0.1093 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0081 | 0.0010 | 7.9196 | 0.1263 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0028 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0006 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0030 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0042 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 | 0.7347 | |
| Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef | |
| Endokrines Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0093 | 0.2071 | 4.8289 | 10 |
| Gehirn | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0052 | 0.0041 | 1.2701 | 0.7873 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0193 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0060 | 1.1422 | 0.8755 | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2991 | 3.3428 | 20 |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | |
| Lunge | 0.0036 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 45 |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0152 | |
| Endokrines Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0244 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0010 | |
| Prostata | 0.0068 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0042 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID: NO: 45

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0390 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0035 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0077 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0273 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef | 10 |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Brust | 0.0000 | | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|-------------------------------------|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0273 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0052 | 0.5756 | 1.7372 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0025 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0021 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| FOETUS | | | | | |
| 35 | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| 45 | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| 50 | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0017 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0010 | 60 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0042 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0026 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0078 | 0.7675 | 1.3029 | 10 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0025 | 1.3585 | 0.7361 | |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0022 | 0.0021 | 1.0799 | 0.9260 | |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0166 | 0.0000 | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | 30 |
| Sanerblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Elutkoerperchen | 0.0026 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 40 |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | 45 |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0061 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0136 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0041 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | 60 |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0068 | 65 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0312 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| 35 | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestenstinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefaessee | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| 45 | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus n | 0.0000 | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|----|
| | | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| FOETUS | | |
|--------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointenstinal | 0.0028 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefaessee | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0032 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0020 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0093 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0057 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

| | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0234 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | | 0.0077 | | 0.0000 | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | | | |
| FOETUS | | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0093 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0043 | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0136 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0228 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0040 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef | 10 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0010 | 0.0041 | 0.2540 | 3.9367 | 20 |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef | 25 |
| Penis | 0.0000 | 0.0267 | 0.0000 | undef | |
| Prostata | 0.0065 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef | 30 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | | | |
|-------------------|--------------|--|----|
| | FOETUS | | |
| | %Haeufigkeit | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | |
| Gehirn | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | | |
| Haut | 0.0000 | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | |
| Lunge | 0.0036 | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | |
| Niere | 0.0000 | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |

| | | | |
|-------------------|-------------------------------------|--|----|
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | 50 |
| | %Haeufigkeit | | |
| Brust | 0.0000 | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | |
| Hoden | 0.0077 | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | |
| Nerven | 0.0000 | | |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0234 | 0.0026 | 9.1527 | 0.1093 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0273 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0028 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | 40 |
| Haut | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | 45 |
| Niere | 0.0000 | | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0038 | 1.3611 | 0.7347 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0021 | 1.0799 | 0.9260 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.1595 |
| | Eierstock_t | 0.0203 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0070 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

| | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0061 | | 0.0165 | | 0.3707 | 2.6973 | |
| Eierstock | 0.0030 | | 0.0052 | | 0.5756 | 1.7372 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | | 0.0075 | | 0.4528 | 2.2083 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | 0.0046 | | 0.0000 | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0067 | | 0.0051 | | 1.2959 | 0.7716 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Herz | 0.0074 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | | 0.0117 | | 0.0000 | undef | |
| Lunge | 0.0031 | | 0.0061 | | 0.5080 | 1.9684 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0097 | | 0.0077 | | 1.2605 | 0.7933 | |
| Muskel-Skelett | 0.0034 | | 0.0120 | | 0.2856 | 3.5020 | |
| Niere | 0.0081 | | 0.0068 | | 1.1896 | 0.8406 | |
| Pankreas | 0.0066 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0060 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | | 0.0068 | | 0.0000 | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0153 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | | | |

| FOETUS | | |
|-------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0056 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 45 |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0249 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | 50 |
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0152 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0064 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0130 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0010 | |
| Prostata | 0.0068 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0042 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

| | | NORMÄL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0010 | 2.1599 | 0.4630 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0043 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0063 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| Blase | 0.0351 | 0.0051 | 6.8645 | 0.1457 |
| Brust | 0.0026 | 0.0075 | 0.3403 | 2.9389 |
| Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 | undef |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 |
| Gehirn | 0.0015 | 0.0041 | 0.3600 | 2.7779 |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| Lunge | 0.0042 | 0.0041 | 1.0161 | 0.9842 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0120 | 0.0000 | undef |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| Zervix | 0.0106 | | | |

| FOETUS | | | | |
|-------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Entwicklung | 0.0278 | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0000 | | | |
| Placenta | 0.0061 | | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Brust | 0.0000 | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | 55 |
| Foetal | 0.0012 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nerven | 0.0050 | | | |
| Prostata | 0.0068 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Uterus_n | 0.0042 | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T T/N | |
| Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | | | | |
| | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0000 | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | |
| | | | | 50 |
| | | | | |
| | | | | |
| | | | | |
| | | | | |
| | | | | 55 |
| | | | | |
| | | | | |
| | | | | |
| | | | | |
| | | | | 60 |
| | | | | |
| | | | | |
| | | | | |
| | | | | |
| | | | | 65 |
| | | | | |
| | | | | |
| | | | | |
| | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0234 | 0.0026 | 9.1527 | 0.1093 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Elutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|----|
| | | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0390 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0235 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0036 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| | | | | | 50 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 55 |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | | |
| Foetal | 0.0000 | | | | 60 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | 65 |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0858 | 0.0077 | 11.1866 | 0.0894 | 5 |
| Brust | 0.0102 | 0.0075 | 1.3611 | 0.7347 | |
| Duenndarm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0260 | 0.2303 | 4.3431 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0125 | 0.5434 | 1.8403 | |
| Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0278 | 0.1381 | 7.2434 | 10 |
| Gehirn | 0.0022 | 0.0144 | 0.1543 | 6.4818 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0379 | 0.0353 | 28.3379 | |
| Haut | 0.0734 | 0.1695 | 0.4332 | 2.3084 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0194 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0159 | 0.0137 | 1.1565 | 0.8647 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0468 | 0.0000 | undef | |
| Lunge | 0.0073 | 0.0164 | 0.4445 | 2.2496 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0230 | 0.0000 | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0180 | 0.3807 | 2.6265 | |
| Niere | 0.0163 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Pankreas | 0.0066 | 0.0055 | 1.1966 | 0.8357 | |
| Penis | 0.0210 | 0.0267 | 0.7862 | 1.2719 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0338 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0235 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0139 | | | | 40 |
| Gastrointestenstinal | 0.0028 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | 45 |
| Herz-Blutgefaessee | 0.0462 | | | | |
| Lunge | 0.0036 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | | 50 |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 55 |
| Brust | 0.0000 | | | | 60 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0051 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | | |
| Foetal | 0.0128 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | 65 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0227 | | | | |
| Hoden | 0.0154 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0171 | | | | |
| Prostata | 0.0068 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0155 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0234 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| Blase | 0.0234 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | |

| | FOETUS |
|-------------------|--------------|
| | %Haeufigkeit |
| Entwicklung | 0.0000 |
| Gastrointestinal | 0.0000 |
| Gehirn | 0.0000 |
| Haematopoetisch | 0.0000 |
| Haut | 0.0000 |
| Hepatisch | 0.0000 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| Lunge | 0.0000 |
| Nebenniere | 0.0000 |
| Niere | 0.0000 |
| Placenta | 0.0000 |
| Prostata | 0.0000 |
| Sinnesorgane | 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|-------------------|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| Brust | 0.0000 |
| Eierstock_n | 0.0000 |
| Eierstock_t | 0.0000 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| Foetal | 0.0000 |
| Gastrointestinal | 0.0000 |
| Haematopoetisch | 0.0000 |
| Haut-Muskel | 0.0000 |
| Hoden | 0.0000 |
| Lunge | 0.0000 |
| Nerven | 0.0000 |
| Prostata | 0.0000 |
| Sinnesorgane | 0.0000 |
| Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0585 | 0.0077 | 7.6272 | 0.1311 |
| | Brust | 0.0192 | 0.0019 | 10.2079 | 0.0980 |
| | Duennndarm | 0.0123 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0052 | 1.7269 | 0.5791 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0075 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0307 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0118 | 0.0062 | 1.9199 | 0.5209 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0190 | 0.0065 | 2.9412 | 0.3400 |
| | Herz | 0.0244 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0041 | 0.2540 | 3.9367 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0509 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0153 | 0.0085 | 1.7913 | 0.5582 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0320 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0238 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0167 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 |
| | Lunge | 0.0036 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 |
| 45 | Placenta | 0.0061 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0251 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0204 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0101 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0082 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0162 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0040 |
| | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0155 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0139 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hoden 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Pankreas 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Samenblase 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 | | | |
| | Zervix 0.0000 | | | |

| | FOETUS |
|----|--------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| 40 | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| | Niere 0.0000 |
| 45 | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0000 |
| 60 | Hoden 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| 65 | Uterus_n 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Elutkoerperchen | 0.0009 | | | | 30 |
| Servix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | | |
|-------------------|--------------|--|----|
| | %Haeufigkeit | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | |
| Gehirn | 0.0000 | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | |
| Haut | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | |
| Lunge | 0.0000 | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | |
| Niere | 0.0000 | | |
| Placenta | 0.0000 | | 45 |
| Prostata | 0.0000 | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 50 |
| Foetal | 0.0012 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | 60 |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0702 | 0.0026 | 27.4580 | 0.0364 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0379 | 0.0000 | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0061 | 0.3387 | 2.9526 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0267 | 0.0000 | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0142 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T T/N | |
| Blase | 0.0351 | 0.0051 | 6.8645 0.1457 | 5 |
| Brust | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 0.7347 | |
| Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0104 | 0.0000 undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0093 | 0.2071 4.8289 | 10 |
| Gehirn | 0.0067 | 0.0010 | 6.4796 0.1543 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Hepatisch | 0.0095 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Herz | 0.0117 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef 0.0000 | 15 |
| Lunge | 0.0010 | 0.0041 | 0.2540 3.9367 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0077 | 1.2605 0.7933 | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Niere | 0.0054 | 0.0137 | 0.3965 2.5219 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | |
| FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0072 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0000 | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | |
| Brust | 0.0000 | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | 55 |
| Foetal | 0.0087 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0130 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nerven | 0.0090 | | | |
| Prostata | 0.0068 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Uterus_n | 0.0458 | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0093 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0412 | 0.0257 | 38.9118 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Cervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0278 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0351 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0624 | 0.0102 | 6.1018 | 0.1639 |
| | Brust | 0.0141 | 0.0056 | 2.4953 | 0.4008 |
| | Duendarm | 0.0215 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0150 | 0.0078 | 1.9188 | 0.5212 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0187 | 0.0050 | 3.7359 | 0.2677 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0307 | 0.0139 | 2.2089 | 0.4527 |
| | Gehirn | 0.0214 | 0.0082 | 2.6099 | 0.3832 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0190 | 0.0065 | 2.9412 | 0.3400 |
| 15 | Herz | 0.0360 | 0.0137 | 2.6213 | 0.3815 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0083 | 0.0041 | 2.0321 | 0.4921 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0171 | 0.0060 | 2.8555 | 0.3502 |
| 20 | Niere | 0.0136 | 0.0548 | 0.2478 | 4.0351 |
| | Pankreas | 0.0083 | 0.0387 | 0.2137 | 4.6800 |
| | Penis | 0.0150 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0087 | 0.0064 | 1.3648 | 0.7327 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0288 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.1246 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0108 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0136 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0077 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0010 |
| | Prostata | 0.0205 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 40 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | 45 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | | 50 |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 55 |
| Brust | 0.0000 | | | | 60 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | |
| Foetal | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | 65 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0390 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0273 | 0.0026 | 10.6781 | 0.0936 | 5 |
| Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0025 | 0.6792 | 1.4722 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0229 | 0.0031 | 7.4396 | 0.1344 | 10 |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0052 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0028 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0061 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0068 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0253 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0006 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0201 | |
| Prostata | 0.0068 | |
| Sinnesorgane | 0.0310 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duendarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| FOETUS | | |
|-------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | |
|-------------------------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | 60 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0273 | 0.0051 | 5.3391 | 0.1873 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duendarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0041 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| 35 | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| 45 | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0043 | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0051 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0052 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0386 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0208 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|----|
| | | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 30 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 35 |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 40 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | 45 |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | 50 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 55 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 60 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 65 |
| | | | | | |
| | | | | | |

FOETUS
%Haeufigkeit

| | | |
|-------------------|--------|----|
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 40 |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | 45 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 50 |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | 55 |
| | | |
| | | |

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

| | | |
|-------------------|--------|----|
| Brust | 0.0000 | 55 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 60 |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 65 |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | |
| | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0312 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0010 | 1.4399 | 0.6945 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0010 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| FOETUS | | |
|-------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | |
|-------------------------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | 60 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | |
| | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0312 | 0.0051 | 6.1018 | 0.1639 |
| | Brust | 0.0102 | 0.0113 | 0.9074 | 1.1021 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0125 | 0.4075 | 2.4537 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0067 | 0.0329 | 0.2025 | 4.9386 |
| | Haematopoetisch | 0.0080 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0330 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0333 | 0.0323 | 1.0294 | 0.9714 |
| 15 | Herz | 0.0127 | 0.0137 | 0.9252 | 1.0809 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0156 | 0.0082 | 1.9051 | 0.5249 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0120 | 0.4283 | 2.3347 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0205 | 0.1322 | 7.5658 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0110 | 0.4487 | 2.2286 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0267 | 0.2246 | 4.4517 |
| | Prostata | 0.0131 | 0.0128 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0208 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0147 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|----------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestenstinal | 0.0056 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0079 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 |
| | Lunge | 0.0072 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0545 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0340 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0608 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0198 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0171 |
| | Haut-Muskel | 0.0032 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0020 |
| | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0697 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID: NO: 93

| | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0234 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0166 | | 0.0226 | | 0.7372 | 1.3564 | |
| Duennndarm | 0.0000 | | 0.0165 | | 0.0000 | undef | |
| Eierstock | 0.0270 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0238 | | 0.0276 | | 0.8645 | 1.1567 | |
| Gastrointestinal | 0.0115 | | 0.0093 | | 1.2425 | 0.8048 | 10 |
| Gehirn | 0.0089 | | 0.0072 | | 1.2342 | 0.8102 | |
| Haematopoetisch | 0.0027 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0220 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0143 | | 0.0518 | | 0.2757 | 3.6266 | |
| Herz | 0.0148 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0230 | | 0.0117 | | 1.9679 | 0.5082 | 15 |
| Lunge | 0.0218 | | 0.0266 | | 0.8207 | 1.2185 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0120 | | 0.0120 | | 0.9994 | 1.0006 | |
| Niere | 0.0081 | | 0.0137 | | 0.5948 | 1.6813 | |
| Pankreas | 0.0149 | | 0.0221 | | 0.6731 | 1.4857 | 20 |
| Penis | 0.0180 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0240 | | 0.0213 | | 1.1260 | 0.8881 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0229 | | 0.0340 | | 0.6734 | 1.4851 | |
| Uterus_allgemein | 0.0204 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0224 | | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0208 | | | | | | |
| Samenblase | 0.0445 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0235 | | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | | | | 30 |
| Zervix | 0.0213 | | | | | | |

| FOETUS | | |
|-------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0167 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0108 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0061 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | 50 |
|-------------------------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Brust | 0.0000 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0245 | 55 |
| Foetal | 0.0099 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | |
| Hoden | 0.0154 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0020 | |
| Prostata | 0.0068 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus n | 0.0042 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

| | | NORMAL | TUMOR | Verhältnisse | |
|----|------------------------|-------------|-------------|--------------|--------|
| | | %Häufigkeit | %Häufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0026 | 7.6272 | 0.1311 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0094 | 0.5444 | 1.8368 |
| | Duennndarm | 0.0092 | 0.0165 | 0.5561 | 1.7982 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0052 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0150 | 0.7925 | 1.2619 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0030 | 0.0103 | 0.2880 | 3.4724 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0052 | 0.0020 | 2.5402 | 0.3937 |
| | Magen-Speiseröhre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0120 | 0.1428 | 7.0040 |
| | Niere | 0.0081 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Pankreas | 0.0050 | 0.0055 | 0.8974 | 1.1143 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0043 | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0381 | 0.0068 | 5.6113 | 0.1782 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0095 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|-------------|
| | | %Häufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.2513 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefäesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0036 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0185 |
| | Placenta | 0.0061 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Häufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0204 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0709 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0070 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0228 |
| | Haut-Muskel | 0.0194 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0010 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0250 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0351 | 0.0026 | 13.7290 | 0.0728 | 5 |
| Brust | 0.0026 | 0.0094 | 0.2722 | 3.6736 | |
| Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0075 | 0.0000 | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0093 | 0.0000 | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0037 | 0.0051 | 0.7200 | 1.3890 | |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0190 | 0.0129 | 1.4706 | 0.6800 | |
| Herz | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 | 15 |
| Lunge | 0.0021 | 0.0061 | 0.3387 | 2.9526 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef | |
| Niere | 0.0081 | 0.0068 | 1.1896 | 0.8406 | |
| Pankreas | 0.0050 | 0.0166 | 0.2991 | 3.3428 | 20 |
| Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0106 | 0.4095 | 2.4423 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0028 | |
| Gehirn | 0.0063 | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0062 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0251 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0116 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0194 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0010 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0155 | |
| Uterus_n | 0.0208 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust 0.0090 | 0.0094 | 0.9527 | 1.0496 |
| | Duennndarm 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe 0.0153 | 0.0176 | 0.8733 | 1.1451 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0096 | 0.0185 | 0.5177 | 1.9316 |
| | Gehirn 0.0081 | 0.0031 | 2.6399 | 0.3788 |
| | Haematopoetisch 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Herz 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge 0.0052 | 0.0020 | 2.5402 | 0.3937 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Pankreas 0.0050 | 0.0055 | 0.8974 | 1.1143 |
| | Penis 0.0180 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata 0.0022 | 0.0064 | 0.3412 | 2.9308 |
| | Uterus_Endometrium 0.0135 | 0.0528 | 0.2561 | 3.9053 |
| | Uterus_Myometrium 0.0076 | 0.0136 | 0.5611 | 1.7821 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Samenblase 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 | | | |
| | Zervix 0.0000 | | | |

| | FOETUS |
|----|--------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung 0.0139 |
| | Gastrointestinal 0.0083 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| 40 | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0071 |
| | Lunge 0.0072 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| 45 | Niere 0.0062 |
| | Placenta 0.0061 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0251 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0051 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0099 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0324 |
| 60 | Hoden 0.0000 |
| | Lunge 0.0328 |
| | Nerven 0.0141 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| 65 | Uterus_n 0.0167 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0064 | 0.0038 | 1.7013 | 0.5878 | |
| Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0030 | 0.0156 | 0.1919 | 5.2117 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0136 | 0.0251 | 0.5434 | 1.8403 | |
| Gastrointestinal | 0.0134 | 0.0139 | 0.9664 | 1.0348 | 10 |
| Gehirn | 0.0074 | 0.0277 | 0.2667 | 3.7502 | |
| Haematopoetisch | 0.0134 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 | |
| Herz | 0.0127 | 0.0412 | 0.3084 | 3.2426 | |
| Hoden | 0.0115 | 0.0585 | 0.1968 | 5.0816 | 15 |
| Lunge | 0.0104 | 0.0204 | 0.5080 | 1.9684 | |
| Magen-Speiseroehre | 0.0193 | 0.0230 | 0.8404 | 1.1900 | |
| Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0240 | 0.4997 | 2.0011 | |
| Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 | |
| Pankreas | 0.0083 | 0.0331 | 0.2493 | 4.0114 | 20 |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0240 | 0.0277 | 0.8661 | 1.1545 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.1055 | 0.0000 | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0178 | | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0113 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0111 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | | |
| Lunge | 0.0181 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0124 | | | | |
| Placenta | 0.0000 | | | | 45 |
| Prostata | 0.0249 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Brust | 0.0000 | | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0051 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0012 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0082 | | | | |
| Nerven | 0.0070 | | | | |
| Prostata | 0.0068 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0113 | 0.2268 | 4.4083 |
| | Duendarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0026 | 2.3025 | 0.4343 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0100 | 1.1887 | 0.8413 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0229 | 0.0062 | 3.7198 | 0.2688 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0847 | 0.0000 | undef |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0062 | 0.0041 | 1.5241 | 0.6561 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0137 | 0.1983 | 5.0439 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0055 | 0.5983 | 1.6714 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0064 | 0.6824 | 1.4654 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0528 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0136 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0954 | 0.0534 | 18.7357 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0557 |
| | Gastrointestinal | 0.0083 |
| | Gehirn | 0.0188 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0142 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0254 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0251 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0051 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 |
| | Foetal | 0.0175 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0114 |
| | Haut-Muskel | 0.0389 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0164 |
| | Nerven | 0.0251 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0310 |
| 65 | Uterus_n | 0.0208 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

| | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0312 | | 0.0026 | | 12.2035 | 0.0819 | 5 |
| Brust | 0.0166 | | 0.0132 | | 1.2638 | 0.7912 | |
| Duenn darm | 0.0061 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0090 | | 0.0026 | | 3.4538 | 0.2895 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0085 | | 0.0025 | | 3.3962 | 0.2944 | |
| Gastrointestinal | 0.0115 | | 0.0231 | | 0.4970 | 2.0121 | 10 |
| Gehirn | 0.0074 | | 0.0082 | | 0.8999 | 1.1112 | |
| Haematopoetisch | 0.0120 | | 0.0379 | | 0.3176 | 3.1487 | |
| Haut | 0.0147 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Herz | 0.0085 | | 0.0275 | | 0.3084 | 3.2426 | 15 |
| Hoden | 0.0058 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0104 | | 0.0061 | | 1.6934 | 0.5905 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0193 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Muskel-Skelett | 0.0051 | | 0.0180 | | 0.2856 | 3.5020 | |
| Niere | 0.0109 | | 0.0274 | | 0.3965 | 2.5219 | 20 |
| Pankreas | 0.0017 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Penis | 0.0150 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0022 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0203 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0255 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0224 | | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0113 | | | | | | 30 |
| Zervix | 0.0106 | | | | | | |

| FOETUS | | |
|-------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Entwicklung | 0.0139 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0111 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0260 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | 40 |
| Lunge | 0.0036 | |
| Nebenniere | 0.0507 | |
| Niere | 0.0247 | 45 |
| Placenta | 0.0061 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | 50 |
|-------------------------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Brust | 0.0000 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0051 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0035 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | |
| Haut-Muskel | 0.0130 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0040 | |
| Prostata | 0.0205 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus n | 0.0042 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust 0.0051 | 0.0056 | 0.9074 | 1.1021 |
| | Duennndarm 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock 0.0030 | 0.0026 | 1.1513 | 0.8686 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0000 | 0.0075 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn 0.0030 | 0.0051 | 0.5760 | 1.7362 |
| | Haematopoetisch 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz 0.0021 | 0.0137 | 0.1542 | 6.4853 |
| 15 | Hoden 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge 0.0052 | 0.0041 | 1.2701 | 0.7873 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Pankreas 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium 0.0000 | 0.0136 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Samenblase 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0061 | | | |
| | Zervix 0.0000 | | | |

| | FOETUS |
|----|--------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| 40 | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| 45 | Niere 0.0000 |
| | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust 0.0068 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0006 |
| | Gastrointestinal 0.0122 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0065 |
| 60 | Hoden 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0030 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| 65 | Uterus_n 0.0125 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0234 | 0.0026 | 9.1527 | 0.1093 | 5 |
| Brust | 0.0077 | 0.0094 | 0.8166 | 1.2245 | |
| Duennndarm | 0.0123 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0050 | 0.6792 | 1.4722 | |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0139 | 0.4142 | 2.4145 | 10 |
| Gehirn | 0.0015 | 0.0021 | 0.7200 | 1.3890 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0048 | 0.0129 | 0.3676 | 2.7200 | |
| Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Lunge | 0.0052 | 0.0020 | 2.5402 | 0.3937 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0077 | 1.2605 | 0.7933 | |
| Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0137 | 0.5948 | 1.6813 | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0166 | 0.0000 | undef | 20 |
| Penis | 0.0150 | 0.0800 | 0.1872 | 5.3421 | |
| Prostata | 0.0109 | 0.0085 | 1.2795 | 0.7815 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0118 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0078 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0213 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0056 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefäesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0108 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0408 | |
| Eierstock_n | 0.1595 | |
| Eierstock_t | 0.0101 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0029 | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0130 | |
| Hoden | 0.0154 | 60 |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0010 | 1.4399 | 0.6945 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0021 | 3.0709 | 0.3256 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0039 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0260 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0204 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0070 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0030 |
| | Prostata | 0.0137 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 45 |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0312 | 0.0051 | 6.1018 | 0.1639 |
| | Brust 0.0102 | 0.0056 | 1.8147 | 0.5510 |
| | Duenndarm 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock 0.0180 | 0.0104 | 1.7269 | 0.5791 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0085 | 0.0176 | 0.4852 | 2.0611 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0172 | 0.0046 | 3.7275 | 0.2683 |
| | Gehirn 0.0126 | 0.0123 | 1.0199 | 0.9804 |
| | Haematopoetisch 0.0040 | 0.0758 | 0.0529 | 18.8919 |
| | Haut 0.0257 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz 0.0138 | 0.0275 | 0.5011 | 1.9955 |
| | Hoden 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge 0.0145 | 0.0102 | 1.4225 | 0.7030 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0206 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere 0.0190 | 0.0137 | 1.3878 | 0.7206 |
| | Pankreas 0.0050 | 0.0110 | 0.4487 | 2.2286 |
| | Penis 0.0180 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata 0.0087 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium 0.0152 | 0.0136 | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0149 | | | |
| | Samenblase 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0353 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0043 | | | |
| | Zervix 0.0000 | | | |

| | FOETUS |
|----|-------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0056 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0039 |
| 40 | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0260 |
| | Herz-Blutgefasse 0.0036 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0000 |
| 45 | Niere 0.0185 |
| | Placenta 0.1030 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0251 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust 0.0204 |
| | Eierstock_n 0.1595 |
| | Eierstock_t 0.0253 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0192 |
| | Gastrointestinal 0.0122 |
| | Haematopoetisch 0.0057 |
| 60 | Haut-Muskel 0.0324 |
| | Hoden 0.0154 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0151 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0077 |
| 65 | Uterus_n 0.0208 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | | | |
|-------------------------------------|------------------------|-----------------------|-----------------------------|--------|----|--|
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 | |
| Brust | 0.0115 | 0.0132 | 0.8750 | 1.1429 | | |
| Duennndarm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| Eierstock | 0.0090 | 0.0052 | 1.7269 | 0.5791 | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0050 | 0.6792 | 1.4722 | | |
| Gastrointestinal | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 | |
| Gehirn | 0.0030 | 0.0041 | 0.7200 | 1.3890 | | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 | undef | | |
| Herz | 0.0127 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef | | |
| Lunge | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 | 20 | |
| Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| Penis | 0.0180 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| Prostata | 0.0109 | 0.0085 | 1.2795 | 0.7815 | | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 | |
| Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | | |
| Samenblase | 0.0178 | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | |
| Zervix | 0.0319 | | | | | |
| FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | 40 | |
| Gastrointestinal | 0.0028 | | | | | |
| Gehirn | 0.0125 | | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | | 45 | |
| Lunge | 0.0108 | | | | | |
| Nebenniere | 0.0254 | | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | | |
| Placenta | 0.0121 | | | | | |
| Prostata | 0.0249 | | | | 50 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | |
| Brust | 0.0000 | | | | 55 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | | |
| Eierstock_t | 0.0051 | | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| Foetal | 0.0099 | | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | | | 60 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0259 | | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | | |
| Lunge | 0.0082 | | | | | |
| Nerven | 0.0100 | | | | 65 | |
| Prostata | 0.0000 | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| Uterus_n | 0.0042 | | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0312 | 0.0077 | 4.0678 | 0.2458 |
| | Brust | 0.0192 | 0.0019 | 10.2079 | 0.0980 |
| | Duenn darm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0390 | 0.1535 | 6.5146 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0075 | 0.9057 | 1.1042 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0046 | 1.2425 | 0.8048 |
| | Gehirn | 0.0118 | 0.0164 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0080 | 0.0379 | 0.2117 | 4.7230 |
| | Haut | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0191 | 0.0275 | 0.6939 | 1.4412 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0239 | 0.0102 | 2.3370 | 0.4279 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0307 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0240 | 0.2142 | 4.6693 |
| 20 | Niere | 0.0081 | 0.0137 | 0.5948 | 1.6813 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0110 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0021 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0204 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0320 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0178 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0087 | | | |
| | Zervix | 0.0319 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0278 |
| | Gastrointestinal | 0.0167 |
| | Gehirn | 0.0125 |
| | Haematopoetisch | 0.0079 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0213 |
| | Lunge | 0.0181 |
| | Nebenniere | 0.0507 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0121 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.2762 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0203 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 |
| | Foetal | 0.0198 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0171 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0161 |
| | Prostata | 0.0137 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0208 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Duendarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0015 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 35 |
| Entwicklung | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0063 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefäesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | 50 |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0032 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0038 | 0.0056 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0165 | 0.3707 | 2.6973 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0052 | 0.5756 | 1.7372 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0100 | 0.1698 | 5.8889 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0103 | 0.2160 | 4.6299 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0758 | 0.0353 | 28.3379 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0125 | 0.0061 | 2.0321 | 0.4921 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0137 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0221 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0021 | 3.0709 | 0.3256 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0528 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0095 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0056 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0759 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0057 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0164 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0274 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0507 | 0.0179 | 2.8330 | 0.3530 | 5 |
| Brust | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Duennndarm | 0.0276 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0270 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Endokrines Gewebe | 0.0119 | 0.0075 | 1.5849 | 0.6309 | |
| Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0046 | 2.0708 | 0.4829 | 10 |
| Gehirn | 0.0044 | 0.0010 | 4.3198 | 0.2315 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0201 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Lunge | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0580 | 0.0230 | 2.5211 | 0.3967 | |
| Muskel-Skelett | 0.0771 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef | |
| Pankreas | 0.0033 | 0.0221 | 0.1496 | 6.6857 | 20 |
| Penis | 0.0210 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0174 | 0.0106 | 1.6378 | 0.6106 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0068 | 3.3668 | 0.2970 | |
| Uterus_allgemein | 0.0357 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | | |
| Samenblase | 0.0534 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0083 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0507 | |
| Niere | 0.0062 | 45 |
| Placenta | 0.0242 | |
| Prostata | 0.0748 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0816 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0041 | |
| Gastrointestinal | 0.0244 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0097 | 60 |
| Hoden | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0030 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0042 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0230 | 0.0038 | 6.1248 | 0.1633 |
| | Duenn darm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0136 | 0.0025 | 5.4340 | 0.1840 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0031 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0212 | 0.0137 | 1.5420 | 0.6485 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0156 | 0.0164 | 0.9526 | 1.0498 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0180 | 0.3807 | 2.6265 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0043 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0068 | 4.4891 | 0.2228 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0532 | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 40 | Entwicklung | 0.0417 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| 45 | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0213 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| 50 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| 55 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0204 | | | |
| 60 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0064 | | | |
| 65 | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0162 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0080 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0312 | 0.0026 | 12.2035 | 0.0819 | 5 |
| Brust | 0.0051 | 0.0019 | 2.7221 | 0.3674 | |
| Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0025 | 0.6792 | 1.4722 | |
| Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0022 | 0.0041 | 0.5400 | 1.8520 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0011 | 0.0137 | 0.0771 | 12.9706 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 | 0.9842 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0081 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 20 |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2991 | 3.3428 | |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0254 | |
| Niere | 0.0124 | 45 |
| Placenta | 0.0121 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0340 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0012 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0020 | |
| Prostata | 0.0205 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0137 | 0.1542 | 6.4853 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0043 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0017 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0114 |
| | Haut-Muskel | 0.0065 |
| 60 | Hoden | 0.0154 |
| | Lunge | 0.0082 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0312 | 0.0026 | 12.2035 | 0.0819 | 5 |
| Brust | 0.0102 | 0.0019 | 5.4442 | 0.1837 | |
| Duenn darm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Endokrines Gewebe | 0.0000 | 0.0050 | 0.0000 | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0037 | 0.0031 | 1.1999 | 0.8334 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0042 | 0.0020 | 2.0321 | 0.4921 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0180 | 0.0952 | 10.5060 | |
| Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2991 | 3.3428 | 20 |
| Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0706 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |

| FOETUS | | | | |
|-------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Entwicklung | 0.0000 | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0167 | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| Haut | 0.0000 | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| Lunge | 0.0036 | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | |
| Niere | 0.0062 | | | 45 |
| Placenta | 0.0667 | | | |
| Prostata | 0.0249 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
|-------------------------------------|--------------|--|--|----|
| | %Haeufigkeit | | | |
| Brust | 0.0136 | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| Eierstock_t | 0.0203 | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | 55 |
| Foetal | 0.0140 | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | 60 |
| Lunge | 0.0000 | | | |
| Nerven | 0.0000 | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| Uterus_n | 0.0000 | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0038 | 0.0000 | undef |
| | Duennndarm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0031 | 0.2400 | 4.1669 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| 20 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Flutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 |
| 45 | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0068 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0051 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

| | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|----|
| | | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0195 | 0.0026 | 7.6272 | 0.1311 | 5 |
| Brust | 0.0038 | 0.0019 | 2.0416 | 0.4898 | |
| Duendarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0120 | 0.0052 | 2.3025 | 0.4343 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0007 | 0.0051 | 0.1440 | 6.9448 | |
| Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0042 | 0.0137 | 0.3084 | 3.2426 | 15 |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Pankreas | 0.0066 | 0.0276 | 0.2393 | 4.1785 | |
| Penis | 0.0000 | 0.0267 | 0.0000 | undef | |
| Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | | |
| Samenblase | 0.0178 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | | |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 35 |
| FOETUS | | | | | |
| %Haeufigkeit | | | | | |
| Entwicklung | 0.0139 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0028 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | 40 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0036 | | | | 45 |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0062 | | | | |
| Placenta | 0.0121 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 50 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 55 |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| %Haeufigkeit | | | | | |
| Brust | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | 60 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | |
| Foetal | 0.0017 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0057 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0130 | | | | 65 |
| Hoden | 0.0000 | | | | |
| Lunge | 0.0000 | | | | |
| Nerven | 0.0020 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0083 | | | | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0624 | 0.0204 | 3.0509 | 0.3278 |
| | Brust | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenn darm | 0.0368 | 0.0165 | 2.2244 | 0.4496 |
| | Eierstock | 0.0120 | 0.0026 | 4.6050 | 0.2172 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0050 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0556 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0030 | 0.0041 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0190 | 0.0065 | 2.9412 | 0.3400 |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0290 | 0.0230 | 1.2605 | 0.7933 |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0110 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.1258 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0479 | 0.0319 | 1.5013 | 0.6661 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0338 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.1067 | 0.0272 | 3.9279 | 0.2546 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0509 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0476 | | | |
| | Samenblase | 0.0267 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | |

| | | FOETUS |
|----|------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0167 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0118 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefasse | 0.0071 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0499 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0204 |
| | Eierstock_n | 0.1595 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0082 |
| | Gastrointestinal | 0.0610 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0032 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0060 |
| | Prostata | 0.0342 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0541 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

| | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0000 | | 0.0019 | | 0.0000 | undef | |
| Duennndarm | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Gehirn | 0.0007 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 10 |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Haut | 0.0037 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Herz | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Hoden | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 15 |
| Lunge | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 20 |
| Penis | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Prostata | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0235 | | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | | | |

| FOETUS | | |
|-------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | |
| Lunge | 0.0072 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | 50 |
|-------------------------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Brust | 0.0000 | |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0000 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0000 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0038 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0026 | 1.1513 | 0.8686 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0150 | 0.4528 | 2.2083 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0051 | 0.1440 | 6.9448 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0064 | 0.0137 | 0.4626 | 2.1618 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0110 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0064 | 0.6824 | 1.4654 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0068 | 2.2445 | 0.4455 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0000 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0061 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.1595 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0114 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0065 |
| | Hoden | 0.0154 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0020 |
| | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0077 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|--|-------------------------------------|--------------|---------------|---------------|----|
| | | | %Haeufigkeit | N/T T/N | |
| | Blase | 0.0819 | 0.0383 | 2.1356 0.4682 | 5 |
| | Brust | 0.0473 | 0.0320 | 1.4811 0.6752 | |
| | Duenn darm | 0.0460 | 0.0331 | 1.3903 0.7193 | |
| | Eierstock | 0.0539 | 0.0442 | 1.2190 0.8204 | |
| | Endokrines Gewebe | 0.0494 | 0.0652 | 0.7576 1.3199 | |
| | Gastrointestinal | 0.0805 | 0.0139 | 5.7984 0.1725 | 10 |
| | Gehirn | 0.0451 | 0.0390 | 1.1557 0.8653 | |
| | Haematopoetisch | 0.0374 | 0.0379 | 0.9881 1.0121 | |
| | Haut | 0.0367 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | Hepatisch | 0.0190 | 0.0323 | 0.5882 1.7000 | |
| | Herz | 0.0382 | 0.0825 | 0.4626 2.1618 | |
| | Hoden | 0.0173 | 0.0117 | 1.4759 0.6775 | 15 |
| | Lunge | 0.0384 | 0.0184 | 2.0886 0.4788 | |
| | Magen-Speiserohre | 0.0580 | 0.0537 | 1.0805 0.9255 | |
| | Muskel-Skelett | 0.0514 | 0.0240 | 2.1416 0.4669 | |
| | Niere | 0.0489 | 0.0479 | 1.0196 0.9808 | |
| | Pankreas | 0.0330 | 0.0663 | 0.4986 2.0057 | 20 |
| | Penis | 0.0359 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | Prostata | 0.0610 | 0.0617 | 0.9883 1.0118 | |
| | Uterus_Endometrium | 0.2838 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0000 | undef 0.0000 | |
| | Uterus_allgemein | 0.0509 | 0.0000 | undef 0.0000 | 25 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.2206 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0773 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0353 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0737 | | | 30 |
| | Zervix | 0.0319 | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | 35 |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0361 | | | |
| | Gehirn | 0.0125 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0157 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | 40 |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| | Herz-Blutgefäesse | 0.0818 | | | |
| | Lunge | 0.0325 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0432 | | | 45 |
| | Placenta | 0.0303 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | 50 |
| | Brust | 0.0340 | | | |
| | Eierstock_n | 0.1595 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0490 | | | 55 |
| | Foetal | 0.0233 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0488 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0285 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0227 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | 60 |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0261 | | | |
| | Prostata | 0.1163 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0929 | | | |
| | Uterus_n | 0.0416 | | | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0038 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0025 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0052 | 0.0041 | 1.2599 | 0.7937 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0254 |
| 45 | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0006 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0070 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

| | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0273 | | 0.0051 | | 5.3391 | 0.1873 | 5 |
| Brust | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Duenndarm | 0.0031 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0030 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | 0.0025 | | 0.0000 | undef | |
| Gastrointestinal | 0.0038 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0059 | | 0.0041 | | 1.4399 | 0.6945 | |
| Haematopoetisch | 0.0013 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Hepatisch | 0.0048 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Herz | 0.0032 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | | 0.0117 | | 0.0000 | undef | 15 |
| Lunge | 0.0052 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | | 0.0077 | | 0.0000 | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Niere | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Pankreas | 0.0017 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | 20 |
| Penis | 0.0150 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0109 | | 0.0085 | | 1.2795 | 0.7815 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0076 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | | |
| Samenblase | 0.0089 | | | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | | | |

| FOETUS | | |
|-------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0028 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | |
| Lunge | 0.0036 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | 50 |
|-------------------------------------|--------|----|
| %Haeufigkeit | | |
| Brust | 0.0136 | |
| Eierstock_n | 0.1595 | |
| Eierstock_t | 0.0051 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0245 | 55 |
| Foetal | 0.0035 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0032 | |
| Hoden | 0.0077 | 60 |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nerven | 0.0030 | |
| Prostata | 0.0068 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0167 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0351 | 0.0077 | 4.5763 | 0.2185 |
| | Brust | 0.0077 | 0.0038 | 2.0416 | 0.4898 |
| | Duenn darm | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0115 | 0.0093 | 1.2425 | 0.8048 |
| | Gehirn | 0.0030 | 0.0021 | 1.4399 | 0.6945 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0233 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0599 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0131 | 0.0149 | 0.8774 | 1.1397 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0340 | 0.4489 | 2.2276 |
| 25 | Uterus_allgemein | 0.0407 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0178 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |

| | | FOETUS |
|----|-------------------|--------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung | 0.0278 |
| | Gastrointestinal | 0.0139 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 40 | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0391 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nebenniere | 0.0254 |
| 45 | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0061 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------|-------------------------------------|
| | | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust | 0.0136 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0152 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0052 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| 60 | Haut-Muskel | 0.0032 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0060 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0077 |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0390 | 0.0051 | 7.6272 | 0.1311 | 5 |
| Brust | 0.0064 | 0.0056 | 1.1342 | 0.8817 | |
| Duenn darm | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0050 | 0.3396 | 2.9444 | |
| Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Gehirn | 0.0007 | 0.0021 | 0.3600 | 2.7779 | |
| Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 20 |
| Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 | 0.9842 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0077 | 2.5211 | 0.3967 | |
| Muskel-Skelett | 0.0154 | 0.0060 | 2.5700 | 0.3891 | 25 |
| Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef | |
| Penis | 0.0210 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 30 |
| Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0272 | 0.5611 | 1.7821 | |
| Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | | 35 |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | |
| Samenblase | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | | 40 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 45 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 50 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 55 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 60 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | 65 |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |

FOETUS
%Haeufigkeit

| | | |
|-------------------|--------|----|
| Entwicklung | 0.0139 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0083 | |
| Gehirn | 0.0000 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0142 | |
| Lunge | 0.0000 | |
| Nebenniere | 0.0000 | |
| Niere | 0.0000 | 45 |
| Placenta | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

| | | |
|-------------------|--------|----|
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 55 |
| Foetal | 0.0012 | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut-Muskel | 0.0065 | |
| Hoden | 0.0000 | 60 |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0083 | 65 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0195 | 0.0026 | 7.6272 | 0.1311 |
| | Brust 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duenn darm 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe 0.0017 | 0.0050 | 0.3396 | 2.9444 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn 0.0022 | 0.0021 | 1.0799 | 0.9260 |
| | Haematopoetisch 0.0000 | 0.0379 | 0.0000 | undef |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| 20 | Niere 0.0109 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata 0.0087 | 0.0043 | 2.0473 | 0.4885 |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Myometrium 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0059 | | | |
| | Samenblase 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0009 | | | |
| | Zervix 0.0000 | | | |

| | FOETUS |
|----|--------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung 0.0000 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0039 |
| 40 | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0260 |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nebenniere 0.0507 |
| 45 | Niere 0.0000 |
| | Placenta 0.0000 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust 0.0000 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0006 |
| | Gastrointestinal 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0000 |
| | Haut-Muskel 0.0162 |
| 60 | Hoden 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0040 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |
| 65 | Uterus_n 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0390 | 0.0051 | 7.6272 | 0.1311 | 5 |
| Brust | 0.0153 | 0.0150 | 1.0208 | 0.9796 | |
| Duennndarm | 0.0245 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Eierstock | 0.0210 | 0.0078 | 2.6863 | 0.3723 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0170 | 0.0125 | 1.3585 | 0.7361 | |
| Gastrointestinal | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 10 |
| Gehirn | 0.0126 | 0.0133 | 0.9415 | 1.0622 | |
| Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 | undef | |
| Herz | 0.0127 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 15 |
| Hoden | 0.0115 | 0.0117 | 0.9839 | 1.0163 | |
| Lunge | 0.0114 | 0.0143 | 0.7983 | 1.2526 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0307 | 0.3151 | 3.1733 | |
| Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0060 | 0.5711 | 1.7510 | |
| Niere | 0.0326 | 0.0274 | 1.1896 | 0.8406 | 20 |
| Pankreas | 0.0033 | 0.0166 | 0.1994 | 5.0142 | |
| Penis | 0.0629 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0109 | 0.0170 | 0.6398 | 1.5631 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0068 | 4.4891 | 0.2228 | 25 |
| Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Brust-Hyperplasie | 0.0256 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0208 | | | | |
| Samenblase | 0.0178 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | 30 |
| Weisse_Blutkoesperchen | 0.0191 | | | | |
| Servix | 0.0106 | | | | |

| | FOETUS | |
|-------------------|--------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Entwicklung | 0.0000 | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0111 | |
| Gehirn | 0.0063 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | |
| Haut | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 40 |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | |
| Lunge | 0.0072 | |
| Nebenniere | 0.0254 | |
| Niere | 0.0062 | |
| Placenta | 0.0000 | 45 |
| Prostata | 0.0000 | |
| Sinnesorgane | 0.0126 | |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
|-------------------|-------------------------------------|----|
| | %Haeufigkeit | |
| Brust | 0.0000 | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | |
| Eierstock_t | 0.0051 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | |
| Foetal | 0.0076 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 55 |
| Haematopoetisch | 0.0057 | |
| Haut-Muskel | 0.0162 | |
| Hoden | 0.0077 | |
| Lunge | 0.0082 | |
| Nerven | 0.0120 | 60 |
| Prostata | 0.0205 | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | |
| Uterus_n | 0.0749 | |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust 0.0051 | 0.0056 | 0.9074 | 1.1021 |
| | Duennndarm 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock 0.0060 | 0.0104 | 0.5756 | 1.7372 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0085 | 0.0075 | 1.1321 | 0.8833 |
| 10 | Gastrointestinal 0.0096 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn 0.0059 | 0.0154 | 0.3840 | 2.6043 |
| | Haematopoetisch 0.0080 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0095 | 0.0129 | 0.7353 | 1.3600 |
| 15 | Herz 0.0201 | 0.0137 | 1.4649 | 0.6827 |
| | Hoden 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge 0.0145 | 0.0164 | 0.8891 | 1.1248 |
| | Magen-Speiseroehre 0.0000 | 0.0230 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0017 | 0.0300 | 0.0571 | 17.5100 |
| 20 | Niere 0.0217 | 0.0068 | 3.1722 | 0.3152 |
| | Pankreas 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis 0.0210 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata 0.0065 | 0.0021 | 3.0709 | 0.3256 |
| | Uterus_Endometrium 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0457 | 0.0204 | 2.2445 | 0.4455 |
| 25 | Uterus_allgemein 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0000 | | | |
| | Samenblase 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0470 | | | |
| 30 | Weisse_Blutkoerperchen 0.0121 | | | |
| | Zervix 0.0213 | | | |

| | FOETUS |
|----|--------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 35 | Entwicklung 0.0139 |
| | Gastrointestinal 0.0056 |
| | Gehirn 0.0000 |
| | Haematopoetisch 0.0157 |
| 40 | Haut 0.0000 |
| | Hepatisch 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0213 |
| | Lunge 0.0217 |
| | Nebenniere 0.0254 |
| 45 | Niere 0.0185 |
| | Placenta 0.0121 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0000 |

| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN |
|----|-------------------------------------|
| | %Haeufigkeit |
| 50 | Brust 0.0068 |
| | Eierstock_n 0.0000 |
| | Eierstock_t 0.0101 |
| 55 | Endokrines_Gewebe 0.0000 |
| | Foetal 0.0210 |
| | Gastrointestinal 0.0122 |
| | Haematopoetisch 0.0057 |
| 60 | Haut-Muskel 0.0259 |
| | Hoden 0.0000 |
| | Lunge 0.0000 |
| | Nerven 0.0020 |
| | Prostata 0.0000 |
| | Sinnesorgane 0.0387 |
| 65 | Uterus_n 0.0000 |

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | | |
|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|----|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N | |
| Blase | 0.0156 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 5 |
| Brust | 0.0090 | 0.0019 | 4.7637 | 0.2099 | |
| Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Eierstock | 0.0240 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0025 | 0.6792 | 1.4722 | |
| Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0046 | 0.0000 | undef | 10 |
| Gehirn | 0.0037 | 0.0010 | 3.5998 | 0.2778 | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Hoden | 0.0058 | 0.0234 | 0.2460 | 4.0652 | 15 |
| Lunge | 0.0010 | 0.0061 | 0.1693 | 5.9051 | |
| Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef | |
| Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Pankreas | 0.0017 | 0.0110 | 0.1496 | 6.6857 | 20 |
| Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| Prostata | 0.0044 | 0.0064 | 0.6824 | 1.4654 | |
| Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | |
| Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0136 | 1.6834 | 0.5940 | |
| Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 25 |
| Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | |
| Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | | |
| Samenblase | 0.0267 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | | 30 |
| Zervix | 0.0000 | | | | |
| FOETUS | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Entwicklung | 0.0139 | | | | 35 |
| Gastrointestinal | 0.0000 | | | | |
| Gehirn | 0.0000 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0079 | | | | |
| Haut | 0.0000 | | | | 40 |
| Hepatisch | 0.0000 | | | | |
| Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | | |
| Lunge | 0.0036 | | | | |
| Nebenniere | 0.0000 | | | | |
| Niere | 0.0000 | | | | 45 |
| Placenta | 0.0000 | | | | |
| Prostata | 0.0000 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| Brust | 0.0000 | | | | 50 |
| Eierstock_n | 0.0000 | | | | |
| Eierstock_t | 0.0000 | | | | |
| Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | 55 |
| Foetal | 0.0000 | | | | |
| Gastrointestinal | 0.0122 | | | | |
| Haematopoetisch | 0.0000 | | | | |
| Haut-Muskel | 0.0000 | | | | |
| Hoden | 0.0000 | | | | 60 |
| Lunge | 0.0082 | | | | |
| Nerven | 0.0010 | | | | |
| Prostata | 0.0205 | | | | |
| Sinnesorgane | 0.0000 | | | | |
| Uterus_n | 0.0042 | | | | 65 |

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz.

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST.
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992–4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgeführt sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

| Sequenz ID No.: | Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe % | Identisch mit / Homolog zu | Länge des Ausgangs-EST in Basen | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Chromosomale Lokalisation |
|-----------------|---|--|---------------------------------|---|---------------------------|
| 1 | 99.65 | H.sapiens rap1b | 193 | 1722 | |
| 2 | 100 | Human zinc finger transcription factor hZF (EZF) Homolog | 235 | 1187 | |
| 3 | 99.42 | Homo sapiens mRNA for phosphatidic acid phosphatase 2a | 221 | 1478 | |
| 4 | 99.98 | H.sapiens mRNA for G protein-coupled receptor Ecg-2 | 211 | 411 | |
| 5 | 97.54 | H.sapiens mRNA for aminopeptidase | 167 | 1775 | |
| 6 | 99.93 | Homo sapiens secreted apoptosis related protein | 252 | 3181 | |
| 7 | 99.85 | Human monocytic leukaemia zinc finger protein (MOZ) | 209 | 1984 | |
| 8 | 99.61 | Homo Sapiens angiotensin II receptor | 233 | 1702 | |
| 9 | 99.2 | Human mRNA for RNA helicase (HRH1) | 230 | 2067 | |
| 10 | 96.57 | Human Hep27 protein Homolog | 219 | 1302 | |
| 11 | 96.09 | H.sapiens mRNA for putative progesterone binding protein | 211 | 1254 | |
| 12 | 98.99 | H.sapiens rhoB | 236 | 2548 | |
| 13 | 99.77 | Human skeletal muscle LIM-protein SLIM1 | 210 | 1673 | |
| 14 | 99.85 | Human LIM domain protein CLP-36 | 247 | 1593 | |
| 15 | 99.98 | Human TRPM-2 | 124 | 572 | |
| 16 | 99.74 | Human calmodulin-1 (CALM1) | 210 | 2520 | |
| 17 | 99.2 | H.sapiens dermatopontin mRNA | 216 | 1722 | |
| 18 | 96.56 | Homo sapiens phosphoglucomutase-related protein (PGMRP) | 226 | 1648 | |
| 19 | 96.3 | Human mRNA for alpha-actinin | 206 | 1102 | |
| 20 | 95.44 | Human nucleic acid binding protein | 94 | 1610 | |
| 21 | 99.03 | H.sapiens mRNA for GAS-3 | 304 | 1108 | |
| 22 | 97.54 | Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K) | 275 | 675 | |
| 23 | 99.99 | H.sapiens mRNA for telokin Homolog | 350 | 350 | |
| 24 | 99.06 | Rat growth and transformation-dependent mRNA | 152 | 746 | |
| 25 | 99.61 | unbekannt | 217 | 217 | |
| 26 | 100 | Spombe chromosome I cosmid c18G6 | 248 | 392 | |
| 27 | 99.94 | unbekannt | 239 | 1796 | |
| 28 | 100 | O.mykiss mRNA for myosin heavy chain | 246 | 575 | |
| 29 | 98.21 | unbekannt | 245 | 2927 | |
| 30 | 99.85 | unbekannt | 233 | 743 | |
| 31 | 99.61 | unbekannt | 253 | 1667 | |
| 32 | 98.22 | unbekannt | 249 | 249 | |
| 33 | 99.03 | Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67 | 249 | 1246 | |
| 34 | 97.54 | Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707 | 215 | 215 | |

| Sequenz ID No.: | Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe % | Identisch mit /Homolog zu | Länge des Ausgangs-EST in Basen | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Chromosomale Lokalisation |
|-----------------|---|--|---------------------------------|---|---------------------------|
| 35 | 97.54 | Caenorhabditis elegans cosmid F09E5 | 221 | 734 | |
| 36 | 99.03 | Rattus norvegicus jun dimerization protein 2 (jdp-2) | 140 | 314 | |
| 37 | 97.54 | G.gallus mRNA for RING zinc finger | 196 | 1839 | |
| 38 | 96.57 | Rattus norvegicus cytoplasmic dynein intermediate chain 2c | 188 | 1931 | |
| 39 | 99.03 | C.salivus mRNA for lipoxigenase | 186 | 294 | |
| 40 | 97.54 | P.falciparum complete gene map of plastid-like DNA (IR-B) | 227 | 882 | |
| 41 | 98.22 | unbekannt | 179 | 179 | |
| 42 | 97.54 | unbekannt | 238 | 238 | |
| 43 | 97.54 | Xenopus laevis RNA binding protein Etr-3 (etr-3) | 307 | 934 | |
| 44 | 99.03 | unbekannt | 220 | 231 | |
| 45 | 99.99 | unbekannt | 217 | 669 | |
| 46 | 97.54 | unbekannt | 208 | 240 | |
| 47 | 99.85 | unbekannt | 228 | 228 | |
| 48 | 99.85 | unbekannt | 229 | 1229 | |
| 49 | 97.54 | Drosophila melanogaster Dfz2 | 281 | 750 | |
| 50 | 97.54 | unbekannt | 223 | 231 | |
| 51 | 97.54 | Human (c-myb) Homolog | 221 | 1340 | |
| 52 | 99.94 | Ovis aries putative G-protein linked receptor (edg-2) | 211 | 226 | |
| 53 | 99.03 | unbekannt | 234 | 611 | |
| 54 | 99.03 | Mus musculus Hsp70-related NST-1 (hsr.1) | 204 | 689 | |
| 55 | 99.61 | Homo sapiens mRNA for Cdc42-interacting protein 4 (CIP4) Homolog | 270 | 560 | |
| 56 | 97.54 | unbekannt | 149 | 851 | |
| 57 | 97.54 | Caenorhabditis elegans cosmid D2021 | 225 | 1354 | |
| 58 | 98.22 | unbekannt | 218 | 268 | |
| 59 | 99.85 | Caenorhabditis elegans cosmid K07A12 | 217 | 752 | |
| 60 | 97.54 | unbekannt | 219 | 1389 | |
| 61 | 97.54 | Caenorhabditis elegans cosmid T09A5 | 94 | 726 | |
| 62 | 97.54 | unbekannt | 205 | 681 | |
| 63 | 99.06 | Saccharomyces cerevisiae chromosome VIII cosmid 9780 | 244 | 1116 | |
| 64 | 97.54 | unbekannt | 226 | 226 | |
| 65 | 99.03 | Homo sapiens excision and cross link repair protein (ERCC4), Homolog | 216 | 806 | |
| 66 | 98.22 | unbekannt | 241 | 241 | |
| 67 | 99.99 | unbekannt | 226 | 226 | |

| Sequenz ID No.: | Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe % | Identisch mit /Homolog zu | Länge des Ausgangs-EST in Basen | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Chromosomale Lokalisation |
|-----------------|---|--|---------------------------------|---|-------------------------------------|
| 68 | 99.03 | Chicken pro-alpha-2(I) collagen gene, g+c rich intron | 139 | 151 | |
| 69 | 100 | unbekannt | 226 | 2042 | |
| 70 | 99.61 | unbekannt | 147 | 147 | |
| 71 | 99.61 | unbekannt | 143 | 143 | |
| 72 | 99.97 | unbekannt | 219 | 2980 | |
| 73 | 97.54 | unbekannt | 227 | 227 | |
| 74 | 99.03 | unbekannt | 246 | 246 | |
| 75 | 97.54 | Rat mRNA for V-1 protein | 222 | 773 | |
| 76 | 100 | unbekannt | 293 | 293 | |
| 77 | 99.06 | Caenorhabditis elegans cosmid F13G3 | 215 | 870 | |
| 78 | 97.54 | Avinelandii nitrogen fixation genes U, S, and V | 237 | 237 | |
| 79 | 99.98 | unbekannt | 439 | 439 | |
| 80 | 99.97 | Human BAC clone GS306C12 from 7q21-q22 | 219 | 2483 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 81 | 97.54 | unbekannt | 200 | 202 | |
| 82 | 99.99 | unbekannt | 220 | 353 | |
| 83 | 99.2 | unbekannt | 223 | 1039 | |
| 84 | 99.03 | unbekannt | 214 | 270 | |
| 85 | 97.54 | unbekannt | 330 | 330 | |
| 86 | 96.57 | Mouse epithelial zinc-finger protein EZF (Zie) | 235 | 235 | |
| 87 | 97.54 | unbekannt | 189 | 189 | |
| 88 | 97.54 | Human unknown protein mRNA within the p53 intron 1 Homolog | 168 | 866 | |
| 89 | 97.54 | unbekannt | 224 | 224 | |
| 90 | 99.94 | Homo sapiens chromosome 16 BAC clone CIT987SK-815A9 | 231 | 846 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 91 | 97.54 | Human Chromosome 11 Cosmid cSRL16b6 | 221 | 223 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 92 | 98.21 | Mouse mRNA for MyD118, a myeloid differentiation primary response gene | 204 | 1374 | |
| 93 | 99.61 | Homo sapiens chromosome +16p11.2 BAC clone CIT987SK-A-575C2 | 224 | 761 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 94 | 96.09 | unbekannt | 225 | 1825 | |
| 95 | 99.85 | Homo sapiens (clone exon trap b207) chromosome 16p13.3 | 240 | 1374 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 96 | 99.03 | Caenorhabditis elegans cosmid T15B7 | 194 | 2615 | |

| Sequenz ID No.: | Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe % | Identisch mit /Homolog zu | Länge des Ausgangs-EST in Basen | Länge der angemeldeten Sequenz in Basen | Chromosomale Lokalisation |
|-----------------|---|---|---------------------------------|---|-------------------------------------|
| 97 | 99.03 | Canis familiaris Sec61-complex gamma-subunit | 233 | 508 | |
| 98 | 97.54 | Human DNA sequence from PAC 187N21 on chromosome 6p21.2-6p21.33 | 197 | 3588 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 99 | 99.65 | Xenopus laevis mRNA for 146 kDa nuclear protein | 197 | 1218 | |
| 100 | 97.54 | unbekannt | 125 | 1303 | |
| 101 | 98.22 | Caenorhabditis elegans FER-1 (fer-1) | 211 | 2333 | |
| 102 | 97.54 | unbekannt | 211 | 1377 | |
| 103 | 97.54 | unbekannt | 223 | 315 | |
| 104 | 98.21 | unbekannt | 219 | 2355 | |
| 105 | 97.54 | unbekannt | 245 | 1339 | |
| 106 | 96.87 | Genomic sequence from Human 13 | 204 | 3751 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 107 | 97.54 | unbekannt | 220 | 300 | |
| 108 | 99.03 | unbekannt | 210 | 1465 | |
| 109 | 97.68 | Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid F25965 | 216 | 1488 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |
| 110 | 97.54 | unbekannt | 231 | 783 | |
| 111 | 99.65 | unbekannt | 212 | 1045 | |
| 112 | 97.54 | unbekannt | 225 | 1386 | |
| 113 | 99.65 | unbekannt | 151 | 1747 | |
| 114 | 97.54 | Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene | 252 | 1526 | |
| 115 | 96.09 | unbekannt | 210 | 1205 | |
| 116 | 98.94 | unbekannt | 209 | 3968 | |
| 117 | 97.54 | Caenorhabditis elegans cosmid R08D7 | 220 | 798 | |
| 118 | 97.54 | unbekannt | 297 | 1068 | |
| 119 | 97.39 | unbekannt | 303 | 4584 | |
| 120 | 99.03 | Rattus norvegicus AKAP95 | 243 | 982 | |
| 121 | 96.57 | Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiated inhibitory protein of PP1 | 253 | 742 | |
| 122 | 98.35 | unbekannt | 310 | 2330 | |
| 123 | 99.74 | Bos taurus supervillin | 282 | 1860 | |
| 124 | 96.09 | B.taurus mRNA for bovine vacuolar ATPase subunit A | 301 | 807 | |
| 125 | 99.74 | unbekannt | 303 | 1932 | |
| 126 | 97.54 | Thermomonospora curvata protein kinase PkwA (pkwA) | 281 | 3024 | |
| 127 | 97.54 | Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87 on chromosome X | 300 | 505 | s. Spalte Identisch mit /Homolog zu |

DE 198 18 620 A 1

TABELLE II

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. | |
|-------------------------------|--|----|
| 24 | 128 | 5 |
| | 129 | |
| 3 | 130 | 10 |
| 25 | 131 | |
| | 132 | |
| | 133 | 15 |
| 26 | 134 | |
| | 135 | |
| | 136 | 20 |
| 27 | 137 | |
| | 138 | |
| | 139 | 25 |
| 28 | 140 | |
| | 141 | |
| | 142 | 30 |
| 29 | 143 | |
| 30 | 144 | |
| | 145 | 35 |
| | 146 | |
| | 147 | |
| | 148 | |
| 31 | 149 | 40 |
| 31 | 150 | |
| | 151 | |
| | 152 | 45 |
| 32 | 153 | |
| | 154 | |
| | 155 | 50 |
| 33 | 156 | |
| | 157 | |
| 34 | 158 | 55 |
| | 159 | |
| | 160 | |
| 35 | 161 | 60 |

65

DE 198 18 620 A 1

| | DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|----|-------------------------------|--|
| 5 | 35 | 162 |
| | | 163 |
| | 36 | 164 |
| 10 | | 165 |
| | | 166 |
| | 37 | 167 |
| 15 | 38 | 168 |
| | 39 | 169 |
| | | 170 |
| 20 | | 171 |
| | 40 | 172 |
| | | 173 |
| 25 | | 174 |
| | 41 | 175 |
| | | 176 |
| 30 | | 177 |
| | 42 | 178 |
| | | 179 |
| 35 | | 180 |
| | 43 | 181 |
| | 44 | 182 |
| | | 183 |
| 40 | | 184 |
| | 45 | 185 |
| | | 186 |
| 45 | | 187 |
| | 46 | 188 |
| | | 189 |
| 50 | | 190 |
| | 47 | 191 |
| | | 192 |
| 55 | | 193 |
| | 48 | 194 |
| | | 195 |
| 60 | | 196 |
| | 49 | 197 |

65

DE 198 18 620 A 1

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. | |
|-------------------------------|--|----|
| 49 | 198 | 5 |
| | 199 | |
| 50 | 200 | |
| | 201 | 10 |
| | 202 | |
| 51 | 203 | |
| | 204 | 15 |
| | 205 | |
| 52 | 206 | |
| | 207 | 20 |
| | 208 | |
| 53 | 209 | |
| 54 | 210 | 25 |
| 55 | 211 | |
| 56 | 212 | |
| | 213 | 30 |
| | 214 | |
| 57 | 215 | |
| 58 | 216 | 35 |
| | 217 | |
| | 218 | |
| 59 | 219 | 40 |
| 60 | 220 | |
| | 221 | 45 |
| | 222 | |
| | 223 | |
| 61 | 224 | |
| | 225 | |
| 62 | 226 | 50 |
| | 227 | |
| | 228 | |
| 63 | 229 | 55 |
| 64 | 230 | |
| | 231 | |
| | 232 | 60 |
| 65 | 233 | |

DE 198 18 620 A 1

| | DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|----|-------------------------------|--|
| 5 | 66 | 234 |
| | | 235 |
| | | 236 |
| 10 | 67 | 237 |
| | | 238 |
| | | 239 |
| 15 | 68 | 240 |
| | | 241 |
| | | 242 |
| 20 | 69 | 243 |
| | | 244 |
| | 70 | 245 |
| 25 | | 246 |
| | | 247 |
| | 71 | 248 |
| 30 | | 249 |
| | | 250 |
| | 72 | 251 |
| 35 | | 252 |
| | | 253 |
| | 73 | 254 |
| 40 | | 255 |
| | | 256 |
| | 74 | 257 |
| 45 | | 258 |
| | | 259 |
| | 75 | 260 |
| 50 | 76 | 261 |
| | | 262 |
| | | 263 |
| 55 | 77 | 264 |
| | 78 | 265 |
| | | 266 |
| | 79 | 267 |
| 60 | 80 | 268 |
| | | 269 |
| 65 | | |

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. | |
|-------------------------------|--|----|
| 80 | 270 | 5 |
| 81 | 271 | |
| | 272 | |
| | 273 | 10 |
| 82 | 274 | |
| | 275 | |
| | 276 | 15 |
| 83 | 277 | |
| | 278 | |
| | 279 | 20 |
| 84 | 280 | |
| | 281 | |
| | 282 | 25 |
| 85 | 283 | |
| | 284 | |
| | 285 | 30 |
| 86 | 286 | |
| | 287 | |
| | 288 | 35 |
| 87 | 289 | |
| | 290 | |
| | 291 | 40 |
| 88 | 292 | |
| ·A | ·A 293 | -A |
| | 294 | |
| 89 | 295 | 45 |
| | 296 | |
| | 297 | |
| 90 | 298 | 50 |
| | 299 | |
| | 300 | |
| 91 | 301 | 55 |
| | 302 | |
| | 303 | |
| 92 | 304 | 60 |
| 93 | 305 | |

DE 198 18 620 A 1

| | DNA-Sequenzen | Peptid-Sequenzen (ORF's) |
|----|---------------|--------------------------|
| | Seq. ID. No. | Seq. ID. No. |
| 5 | | 306 |
| | 94 | 307 |
| | 95 | 308 |
| 10 | | 309 |
| | | 310 |
| | 96 | 311 |
| 15 | | 312 |
| | 97 | 313 |
| | | 314 |
| 20 | | 315 |
| | 98 | 316 |
| | | 317 |
| 25 | | 318 |
| | 99 | 319 |
| | 100 | 320 |
| 30 | | 321 |
| | 101 | 322 |
| | 102 | 323 |
| | | 324 |
| 35 | | 325 |
| | 103 | 326 |
| | | 327 |
| 40 | | 328 |
| | 104 | 329 |
| | | 330 |
| 45 | | 331 |
| | 105 | 332 |
| | | 333 |
| 50 | 106 | 334 |
| | | 335 |
| | | 336 |
| 55 | 107 | 337 |
| | | 338 |
| | | 339 |
| 60 | 108 | 340 |
| | | 341 |

65

DE 198 18 620 A 1

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. | |
|-------------------------------|--|----|
| 108 | 342 | 5 |
| 109 | 343 | |
| | 344 | |
| | 345 | 10 |
| 110 | 346 | |
| | 347 | |
| 111 | 348 | 15 |
| | 349 | |
| | 350 | |
| 112 | 351 | 20 |
| | 352 | |
| | 353 | |
| 113 | 354 | 25 |
| 114 | 355 | |
| | 356 | |
| | 357 | 30 |
| 115 | 358 | |
| | 359 | |
| | 360 | 35 |
| 116 | 361 | |
| | 362 | |
| | 363 | |
| | 364 | 40 |
| 117 | 365 | |
| | 366 | |
| | 367 | 45 |
| 118 | 368 | |
| | 369 | |
| | 370 | 50 |
| 119 | 371 | |
| | 372 | |
| 120 | 373 | 55 |
| | 374 | |
| 121 | 375 | |
| 122 | 376 | 60 |
| | 377 | |

65

| DNA-Sequenzen Seq. ID. No. | Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No. |
|-------------------------------|--|
| 122 | 378 |
| 123 | 379 |
| | 380 |
| | 381 |
| 124 | 382 |
| | 383 |
| | 384 |
| 125 | 385 |
| | 386 |
| | 387 |
| 126 | 388 |
| 127 | 389 |
| | 390 |

Die erfindungserfindenden Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 128–390 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 390

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1722 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

cgttgaagta gatgcacaac agtgtatgct tgaaatcttg gatactgcag gaacggagca 60
 atttacagca atgaggggatt tatacatgaa aaatggacaa ggatttgcag tagttttattc 120
 catcacagca cagtccacat ttaacgattt acaagacctg agagaacaga ttcttcgagt 180
 taaagacact gatgatgttc caatgattct tgttggtaat aagtgtgact tgggaagatga 240
 aagagtgtga ggggaaggaac aaggtcaaaa tctagcaaga caatggaaca actgtgcatt 300
 cttagaatct tctgcaaaaat caaaaataaa tgttaatgag atctttttatg acctagtgcg 360
 gcaaatatc agaaaaactc cagtgccttg gaaggctcgc aaaaagtcag catgtcagct 420
 gctttaatat actaaatgca ttgtagctct gagccaggtc tgaagaactg ttgccaatt 480
 caacagtgcc agcattocaa ctttgttaaa cctaccaaca tcttaaatgg actttcctgt 540
 ggtggtaccc ttaagagggc ggatgaaagc tactatatca gtttgacat tctaactact 600
 ttccagtatc acaagagaga tttttactta tataatagtc ctgaggtttg cagctggtaa 660
 aaccagagggc tacatccagt attactgcta agagacattc ttcattccacc aatgttgtac 720
 atgtalgaag atggtgtact gtatacttta acatgcccc aactttgtat tggagagtac 780
 aataatgtaa atcctaaaag caccactatt ttagcataat aaaagaaagt ccaaagagct 840
 cctatataga ctactccaga taacttcgct tctttgatac ttgtagctta ttgtaatttt 900
 ttttaagaaa ttcaaggtca ttattattgt acaaaataag cgctttgatt aacacagcta 960
 tatagttttt ttaattttta aaaaacctgt ggagacgggt atcttgtctt taaaacatga1020
 tagtcctttc agtataatgt cttagattaa agacggtgcc ttttaatatct gttgggaagg1080
 aaatgtccag acttttcaaa tctcttatta tatgtttcct ttttttggtt acatagggaal140
 caatgtttat agtcgtgtgt acagtggggg tctacaacaa gaagtgtata ttttcaaaca1200
 attltttaat gatttaacaa tttttgtaaa tcattttcag gcttctgcag ctgtagattc1260
 tcaactgtgaa tcccttgctt gctcatgcat aagtgtattt gcaataccaa atatacaggt1320
 ttagtatttt tgectgttag tgattgtttc acatgtgtaa cgttttggtt gagatgttaa1380
 atggtggacg agtactgtgg atgtgaatgt ggggaagta tttaatcata tgtaattggt1440
 cacaaggcct aatttgcagt aactattgct gttttattta acaatgcctt gttgctttgt1500
 atgcattaat gtttgatgt aaagattgtg tgtctatcca acagggagcc acagtattta1560
 aattgaccaa cctaattgta caactacttt gaggtggcca aatgtaaact aaaagcctta1620
 attaaagtgg tgcaattttg tataacttag catcagtagt tcaataaatt tggattgccal680
 tgcaagggct tgcattataa aaaaaaacaa aaaaaaaaaa aa 1722

30

35

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

65

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

cggtctgagg aggcgggtctc ttctgtgcacc cacttggggc ctggaccccc tctcagcaat 60
ggccaccggc cggtgcacac cgacttcccc ctggggcggc actccccagc aggactaccc 120
cgaccctggg tcttgaggaa gtgctgagca gcagggactg tcaccctgcc ctgccgcttc 180
ctcccggctt ccatccccac ccggggccca attaccatc cttcctgcc gatcagatgc 240
agccgcgaagt cccgccgctc cattaccaag agctcatgcc acccggttcc tgcagccag 300
aggagcccaa gccaaagagg ggaagacgat cgtggccccc gaaaaggacc gccaccaca 360
cttgtgatta cgcgggctgc ggcaaaacct acacaaagag ttcccatctc aaggcacacc 420
tgccaaccca cacagggtgag aaaccttacc actgtgactg ggacggctgt ggatggaaat 480
tcgcccgtc agatgaactg accaggcact accgtaaaca cacggggcac cgcccgttcc 540
agtgcacaaa atgcgaccga gcattttcca ggtcggacca cctcgcctta cacatgaaga 600
ggcattttta aatcccagac agtggatatg acccacactg ccagaagaga attcagtatt 660
ttttactttt cacactgtct tcccgatgag ggaaggagcc cagccagaaa gcactacaat 720
catggtcaag ttcccaactg agtcactctg tgagtggata atcaggaaaa atgaggaatc 780
caaaagacaa aaatcaaaga acagatgggg tctgtgactg gatcttctat cattccaatt 840
ctaaatccga cttgaatatt cctggactta caaaatgcc aaggggtgac tggaagttgt 900
ggatatcagg gtataaatta tatccgtgag ttggggggagg gaagaccaga attcccttga 960
attgtgtatt gatgcaatat aagcataaaa gatcaccttg tattctctt accttctaaa1020
agccattatt atgatgttag aagaagagga agaaattcag gtacagaaaa ccatgtttaa1080
atagcctaatt gatggtgttt gtgagcttgg tcctaaagg cccaacaagg gagccaaagg1140
tttaaactgc tggatccttg gcaaggggaa atctgtgttt ttttccg 1187

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1478 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

```

gcgaacccgc gcgctgcccg gtcctgcgct gccagcgagg aggggctgga cccgcggttc 60
ctcctccctg ccgggtcccca tccttaaaagc gagagtctgg acgccccgcc tgtgggagag 120
agcgccggga tccggacggg gagcaaccgg gccaggccgt gccggctgag gaggtcctga 180
ggctacagag ctgccgcggc tggcacacga gcgcctcggc actaaccgag tgttcgcggg 240
ggctgtgagg ggagggcccc gggcgccatt gctggcgggtg ggagcgccgc ccggtctcag 300
ccgcgcctcg gctgctctcc tcctccggct ggagggggcc gtagctcggg gccgtcgcca 360
gccccggccc gggctcgaga atcaagggcc tcggccggcc tcgccgagct cagtccatcg 420
cccttgccgg gcagcccggg cagagacat gttgacaag acgcggtgc cgtacgtggc 480
cctcgatgtg ctctgcgtgt tgcgtggctg attgcctttt gcaattctta cttcaaggca 540
taccctcttc caacgaggag tattctgtaa tgatgagtc atcaagtacc cttacaaaga 600
agacaccata ccttatgcgt tattaggtgg aataatcatt ccattcagta ttatcgttat 660
tattcttgga gaaaccctgt ctgtttactg taaccttttg cactcaaatt cctttatcag 720
gaataactac atagccacta ttacaaaagc cattggaacc tttttatttg gtgcagctgc 780
tagtcagtc ctgactgaca ttgccaaagta ttcaatagga agactgcggc ctcacttctt 840
ggatgtttgt gatccagatt ggtcaaaaat caactgcagc gatgggtaca ttgaatacta 900
catatgtcga gggaatgcag aaagagttaa ggaaggcagg ttgtccttct attcaggcca 960
ctcttcgttt tccatgtaet gcatgctgtt tgtggcactt tatcttcaag ccaggatgaa1020
gggagactgg gcaagactct tacgcccac actgcaattt ggtcttgttg ccgtatccat1080
ttatgtgggc ctttctcgag tttctgatta taaacaccac tggagcgatg tgttgactgg1140
actcattcag ggagctctgg ttgcaatatt agttgctgta tatgtatcgg atttcttcaal200
agaaagaact tcttttaaag aaagaaaaga ggaggactct catacaactc tgcataaacl260
accaacaact gggaatcact atccgagcaa tcaccagcct tgaaaggcag cagggtgccc1320
aggtgaagct ggcctgtttt ctaaaggaaa atgattgcca caaggcaaga gggatgcac1380
tttcttctcg ggtgtacaag ccctttttaa gaccttctgc tggctgcgat gcctcttgga1440
atgcacagtt gtgtgtaaca gagttacctt aactcgtg 1478

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 411 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:4

```

gccacatttc cgggggttttg cggggcccg c gatgttttcc agagcttttc aagtgggaag 60
aggagagcga caacgtgaaa atgccccgtg ccggggcgct caccggagtc ctgccagctg120
tccggcgctg ggggtggacgt ctgatttatg aaagctcccca tccacctatc tgagtacctg180
acttctcagg actgacacct acagcatcag gtacacagct tctcctagca tgacttcgat240
ctgatcagca aacaagaaaa tttgtctccc gtagttcttg ggcgtgttca ccacctacaa300
ccacagagct gtcattggctg ccattctctac ttccatccct gtaattttcac agccccagtt360
cacagccatg aatgaaccac agtgcttcta caacgagtcc attgccttct t 411

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

aaaatcctat gatagtataa ctttgcataa gcctactgaa tgataggaaa gtttttagtt 60
tcttatcaaaa gaaagagaat aaagtgtttt tttttttcag ttccacattg acattttttat 120
taacgccaac tgttttttta ttattttttt aaaacaatag cacaaaaaatg tttcaaggaa 180
gcagtctcac aatctgatga ctttctgaaa taccgttaag ccacaccaa tatgaatttc 240
tgtaataaac acaaaatatt tttttaagaa aaaaagaaaa aaaaggtagg gaaagaagaa 300
gggaatgaga ttttagattt aaactcattg gattaaatag gtgaggctta ttagtaggat 360
atactgttga agcaaacagt ggcacacaca ggcttacagt cttgtttttt taaaccagtt 420
accactaatg tattaagccc tgcagcagtt accactgact tctcgcacgc ataaaaatgaa 480
ccgggagaag ccagtgttga tactgttggt aagaggttca agagctggct tttcagacaa 540
ctaagaccat ttttagcaga ataactcctt cagaaaggcc tggctgaaga tcttttttatt 600
tctattgtct cacctatata aatttcaggg ttcttataag tcattcttaa aaagaaaaaa 660
ataatgtata tcagtttctc ttatttaattg tggctatgaa agatgtttcc ttattatttc 720
ttcatctcta agaaggacac cagggaatgg ggggtggggg tggaactaaa gggaggaaaa 780
aaaccagaac agggtaggtt tttgtttttt gctttttgtt tttttttggc caaggggtcg 840
gtcacacaga agggaaggca aggaggaaaa ctaaactaca atccttggtt cagattgagt 900
tatgcaggaa tatatcttcc tgatcagtc ccgtgccaaa aaaaaaaaaa gccacttggg 960
attatgcact gactccaact atgtgatacc agctatcagc cttttgtgtt taaccatttcc1020

```


cagaaatgga caccaccctt ggctttatag gctccttgca gaacccattt cacaaaaatg1090
 ctcttcacca agaagcctct agtttccttt tggtaggtta taataaacaga acatctgtcal140
 ttaacagtag agtggttaaat acttttaacc actgacaagg cttcagaaag tttcacagtt1200
 tegtattgct ctatttttatt actatcatat ttacattttt atttttttatt ttttttttgc1260
 tgaattgctg attttccttt ttcaatagaa ttttaattctg gagtgtgagc aggaaccagt1320
 taactacatt cattgtccaa cccccactgg tttgaaagaa gactccaaat tcttggcata1380
 tgaatcagct gttcggtagc tccaccttat ccctgcagcg aagcagcaga accgccaatg1440
 gcggcacctc aggattcaca ctgtgggtgg tgaggccttc cgctgaagga ggtactggtg1500
 gatgctctca gcatctcgct ttagccaggc agcattcagc agaattttt cacaacactg1560
 ctggatggta cgctcagctg aaggagctgg gtgactctcg aagaaagcct taacctctcc1620
 agccatttta tcaactgcaa atccctcaac tgatagctgc aaaacaatgg ttttaaacag1680
 taagtgaac caagaggctg agaacaaact tccatttacc ctaaaaaata ataaatataa1740
 tgtcgcagcg ccccaatata atagtagtag gggga 1775

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3181 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library.

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

cgggtggggg gggagcaggg ggggacagt ccccggaac ccggtgggtc acacacacgc 60
 actgcgcctg tcagtagtgg acattgtaat ccagtcggct tgttcttgca gcattcccgc 120
 tcccttcctt ccatagccac gctccaaacc ccagggtagc catggccggg taaagcaagg 180
 gccattttaga ttaggaagggt ttttaagatc cgcaatgtgg agcagcagcc actgcacagg 240
 aggaggtgac aaaccatttc caacagcaac acagccacta aaacacaaaa aggggggattg 300
 ggcggaaagt gagagccagc agcaaaaact acattttgca acttgttggg gtggatctat 360
 tggctgatct atgcctttca actagaaaat tctaattgatt ggcaagtcac gttgttttca 420
 ggtccagagt agtttcttct tgtctgcttt aaatggaaac agactcatac cacacttaca 480
 attaaggtca agccagaaa gtgataagtg caggaggagaa aagtgcaggt ccattatgta 540
 atagtgcagc caaagggacc aggggagagg cattgccttc tctgcccaca gtctttccgt 600
 gtgattgtct ttgaatctga atcagccagt ctcatatgcc ccaaagtctt gggtccctatg 660
 agcccggggc atgatctgat cccaagaca tgtggagggg cagcctgtgc ctgcctttgt 720
 gtcagaaaaa ggaaaccaca gtgagcctga gagagacggc gatttttcggg ctgagaaggc 780
 agtagttttc aaaacacata gttaaaaaag aaacaaatga aaaaaatttt agaacagtcc 840
 agcaaattgc tagtcagggt gaattgtgaa attgggtgaa gagcttagga ttctaattctc 900
 atgttttttc cttttcacat ttttaaaaga acaatgacaa acacccactt atttttcaag 960
 gtttttaaac agtctacatt gagcatttga aaggcgtgct agaacaaggc ctccctgatcc1020
 gtccgaggct gcttcccaga ggagcagctc tcccaggca tttgccaagg gaggcggatt1080
 tccctggtag ttagctgtg tggctttcct tctgaagag tccgtggttg ccctagaacc1140

```

taacaccccc tagcaaaact cacagagctt tccgtttttt tctttcctgt aaagaaacat1200
ttccttttgaa cttgattgcc tatggatcaa agcaattcag aacggcctgc ctgtccccc1260
gcacttttta catatatattg ttccatttct gcagatggaa agttgacatg ggtgggggtgt1320
5 cccatccag cgagagagtt tcaaaagcaa aacatctctg cagtttttcc caagtaccct1380
gagatacttc ccaaagccct tatgtttaat cagcgatgta tataagccag ttcacttaga1440
caactttacc cttcttgctc aatgtacagg aagtagttct aaaaaaaatg catattaatt1500
tcttccccc aagccggatt ctttaattctc tgcaacactt tgaggacatt tatgattgtc1560
cctctgggccc aatgcttata cccagtggag atgctgcagt gaggctgtaa agtggccccc1620
10 tgcggcccta gcctgaaccg gaggaagga tggtagattc tgttaactct tgaagactcc1680
agtatgaaaa tcagcatgcc cgcctagtta cctaccggag agttatcctg ataaattaac1740
ctctcacagt tagtgatcct gtccttttaa cactttttt gtgggggtct ctctgacctt1800
tcatcgtaaa gtgctgggga ccttaagtga tttgcctgta attttggatg attaaaaaat1860
gtgtatatat attagctaatt tagaaatatt ctacttctct gttgtcaaac tgaaattcag1920
15 agcaagttcc tgagtgcgtg gatctgggtc ttagttcttg ttgattcact caagagttca1980
gtgctcatat gtatctgctc attttgacaa agtgccctcat gcaaccgggc cctctctctg2040
cggcagagtc cttagtggag gggtttacct ggaacattag tagttaccac agaatacgg2100
agagcaggtg actgtgctgt gcagctctct aaatgggaat tctcaggtag gaagcaacag2160
cttcagaaaag agctcaaaat aaattggaaa tgtgaatcgc agctgtgggt tttaccaccg2220
20 tctgtctcag agtcccagga ccttgagtgt cattagttac tttattgaag gtttttagacc2280
catagcagct ttgtctctgt cacatcagca atttcagaac caaaaggag gctctctgta2340
ggcacagagc tgcactatac cgagcctttg tttttctcca caaagtatct aacaaaacca2400
atgtgcagac tgattggcct ggtcattggt ctccgagaga ggaggtttgc ctgtgatttc2460
ctaattatcg ctaggggcaa ggtgggattt gtaaagcttt acaataatca ttctggatag2520
25 agtcctggga ggtccttggc agaactcagt taaatctttg aagaatattt gtagtattct2580
tagaagatag catggggagg gaggattcca aaaacatttt attttataaa tatcctgtgt2640
aacacttggc tcttggtacc tgtgggtag catcaagttc tccccagggt agaattcaat2700
cagagctcca gtttgcatth ggatgtgtaa attacagtaa tccatttcc caaacctaaa2760
atctgttttt ctcatcagac tctgagtaac tgggtgctgt gtcataactt catagatgca2820
30 ggaggctcag gtgatctgtt tgaggagagc accctaggca gcctgcaggg aataacatac2880
tgcccggttct gacctgttgc cagcagatac acaggacatg gatgaaattc ccgtttcctc2940
tagtttcttc ctgtagtact cctcttttag atcctaagtc tcttacaaaa gctttgaata3000
ctgtgaaaat gttttacatt ccatttcatt tgtgttgttt ttttaactgc attttaccag3060
atgttttgat gttatcgctt atgttaatag taattccggt acgtgttcat tttattttca3120
35 tgctttttca gccatgtatc aatattcact tgactaaaat cactcaatta atcaataaaa3180
a 3181

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1964 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 60 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 65 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7

```

gcaacatgtc tggcaccac attggcattc ctcacacgca gagattgcaa gggcaaatgc 60
cagtgaaggg gcacattttcc atccgctcca agtctgcgcc actgccctct gcggctgctc 120
accagcagca gctgtatggc cgtagcccat cggcagttgc catgcaggct ggcctcgcg 180
cactggctgt tcagcgtggc atgaacatgg ggggttaatct gatgcctact cccgcctata 240
atgtcaattc catgaatatg aacaccttga atgccatgaa cagctatcga atgacacagc 300
ccatgatgaa cagcagttac catagtaacc ctgcctacat gaaccagaca gcacagtatc 360
ctatgcagat gcagatggga atgatgggga gccaggccta taccagcag cctatgcagc 420
ctaaccctca tgggaacatg atgtacacag gccctcccca tcacagctac atgaacgctg 480
ctggcgtgcc caagcagtc ctcaacggac cttacatgag aagatgagca agatgaactt 540
gcaatcaaaa acttaaatat atataaataa aggaaccttt tatactgaca aaccagagaa 600
aaatggacct ttttccagtt aaaatattgc tgtagattta gaggaatfff tctttggttt 660
attttatfff ttagaaaacc tgatcttctc ttttttggg ttcattttgt tctgggtttt 720
ggttttcttc acaatcttga acattttaca gtagaactca tctaaaaatg gatttgggga 780
tggggaaaca tgcacaaaat cttttcataa ttaaaaagag ccttactttc tttacatacc 840
acatggacag aatttgtgta aaagtgaatt atctttatff taaaatgtat gtttccctc 900
actgtttgca gctcccaatg ttgtcatttt taaatgttat atacatctca agggttaacc 960
agaccctttc ctccaaaccg aacctttcat ttctacttcc attccagcag gaggcactta1020
ggggagactc ggatggggac atggagaaca acccaagctc cttaaactat taaagtgagg1080
caggaaaaatg ctctccttt taaaatcccc tccactcctc acacacacac acctcttga1140
acccttcccc aagaatgttt ctttatagac ggacttcatt gaaatctttg ttgttcttga1200
atcaagtgtg atataatttt tttcttcttt tttaaaatat tccactcag cactcagaga1260
cacaaaaata ctgtaagtct caattaacag cagaatctca gagaaaagct gtttgcaatc1320
caaatccagc ctttgaggga atagagatgg tcaattaaca atcaaaaaga ggagattaac1380
ctcttgtttt ttaccacct ggtgaatcag ccataacgca cacacacgcc acccagcctc1440
ttgtttctag tatgtacttt gaaatgctaa ctgaggggtct tgatgcttga gcctttgact1500
gataaaactc aaatagcagt cccagtgat ttgcctctta ggttctttct taaattgttg1560
gtggatgact gtacatttta gtgatttgaa aaataactga caaacattg aaacagttta1620
ttttatgttg gaagagatgg cgcagatgtg tgtcagaagg gagatcacgg tgtgagtttc1680
gtagctatff: aagtgatata tacctctagt ttttgatgt cttttgagat cctgagttca1740
tcccctgtga atcagagtgc acaagcacct ctctgtgag tggctaata gaagaggga1800
agaccgacca ccagcacagt agggcagatc tggacagcag aatgttataa cgcaagttca1860
tgtgttgctc ccaactccat tctcttttct ctctgtgcaac cagtttgccc attctcttcc1920
tattacttgc tccagggata ggtaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1964

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1702 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

5

ggacacccca ggtatgtgga cgagcagttc ctgtcacgcc tcttcttatt tgtggccctg 60
 gtgatcatgt tctggctcct gattgcctaa tgctgggctc ctgcgtacat ccgtggcagg 120
 gctctggact ggtgacgtgc caccccaact cctgggtgtt ggcttctctg ctaatcttga 180
 10 ctcttggaat cagtgggatc agtaaacacat caaggagtct tgtttcttca tcagagcttt 240
 ggaactcgag accagttggc gatgacccct gaatatcgcc accgctgtaa aactctata 300
 acttcaggcc ttggcattga gtcactcttc atgggtgaca ccatgaaatc ttgtttcagc 360
 cagttctgca ggtcctgact ctgcagaggg aagaggcaga aagagagaaa ctgtcagagt 420
 ataatttcac ctgagtttaa tattacagaa acaaagggat gcaccaaag gtatttctgg 480
 15 aaattttcat gtcttttaaa accccttggg aagttgtctc tgaagccagt gggggctcct 540
 cagatagaga ggttccccct tcaaatccca gtgccgctct gttctctttc cttccccctc 600
 cactccccct cttcttcttc tgtagagatg caagaaattg ctgtcccata aaaatcataa 660
 ttgcagtagc taaagctggg gtcacttcgt gaattcacca gagactcaaa gatcttttat 720
 tggctctggg ctgtgctcag tgtctttggc ctccagagaa aacttgaatg acttctctgg 780
 20 ttcctggcat aaattattcc tggtagagac tgtggcttaa ctcacaggtt tcccatcagc 840
 tttctcccta aaactatgtt catctgcctc tctctgccag agaacataca gccgagaata 900
 ctgccgaagc tgagactgac tactgtgcat taggaaagac ctggagtcag gactttggtg 960
 ggattttgag ctccgaggca gtaataactg aacaagcagc cctgtccccct aggtgcaga1020
 25 agcttgaatg catcctctcc cagaacctgc cacaggaaac tgggggcttt gtcaggtcag1080
 cccaactgca tgcaaaagac caccatcctc agaagccaag ttgtctttta tgaagaggca1140
 aggaaagggg aaacctacat gtgacctga ttttggtatg gcttgataga gttccctgaa1200
 aactccttgt atgtgtgcta aaaccaggga agcatgtgac tgccaagcag gcaaccctg1260
 atgattttga aagccaggtg gcagggcctt ggggagcccc agcacaatga tattgtgtgg1320
 30 tcttccccct tgtggaatcg aggggaaatt attcttccca ataccttgat ttgattttca1380
 gtttcataag cttcttcttc tgaatcttat tgagggacta tggtagcaag caggtaggac1440
 tgttcacctg gtggaacagt tcttgctctg ccttctaggc ttcacccag aaatccagcc1500
 tctttctgga gaccccaaag ctggaggagg atgggctttc ctctgggcct ctcttctac1560
 tttgccatcc aactgctcc tggctaacc cagcaagaac caacaaatgg gtagggaagc1620
 35 cccatctaata tggctttttt tcttcaatta tggacgtgca ttgttttggg tgggaacaaa1680
 aggtttttgga ggggagatgt gg 1702

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2067 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

gccgcagget cccggtgttc ccatttcgag aggagctcct ggctgctatt gcaaatacacc 60
aagtcctcat cattgaaggc gagacagggt cagggaagac caccagatc ccgcagtatc 120
tctttgagga gggttatata aacaagggtg tgaagattgc ctgcacccaa ccccgagag 180
tggctgccat gagtgtggcc gcccgagtgg cccgggagat gggtgtgaag cttgggaatg 240
aggttggtta cagcatccgc tttgaggact gcacatcaga gcgaactgtc ctccgctaca 300
tgacagatgg gatgcttctc cgggagttcc tctctgagcc tgacctggcg agttacagcg 360
tgggtgatgtt ggatgaggca cacgaaagga ccctacacac agacattctc tttggattga 420
tcaaggatgt tgctcgcttc cgacctgagc tcaaggctct gggtgcttca gccacaatgg 480
acactgcccg tttttccacc ttctttgatg acgcccctgt ttctgaatc cccggacgca 540
ggtttctctg ggacatcttc tacaccaagg ctccagaggc tgactacttg gaagcttgtg 600
tagtatctgt gttgcagatc catgtgacct agccccctgg ggatactctg gtgttctctg 660
caggacagga ggagattgag gctgcctgtg agatgctcca ggatcgctgc cgcgcctgg 720
gctccaaaat ccgggagctc ctggtgctgc ccatttatgc caatctgccc tctgacatgc 780
aggcccggtt ctccagccc acaccacctg gggcacgaaa gggtgttgtg gcaacgaaca 840
ttgctgagac atcactcacc attgagggca tcatattatg gctggatcca gggttctgta 900
agcagaagag ctacaacccc cgcacaggca tggaaatcgt cactgtcaca cctgcagca 960
aggcctcagc caatcagcga gctggcaggg caggctcggg ggctgcaggg aagtgttctc 1020
gcctgtatag cgctggggcc tatcagcagc agcttgagga aaccacagtg cctgagatcc 1080
agagagaccg cttgggcaat gtctgttgtc tgctcaagag cttagggatc catgacctaa 1140
tgacatttga tttcttgagc cctccaccat atgagacact gctgctggct ttggagcagc 1200
tgtatgctct gggagccctc aaccaccttg gggagctcac cacgtctggt cgaaagatgg 1260
cagagctgcc ggtggacccc atgctgtcca aaatgatctt agcctctgag aagtacagct 1320
gttcagggga gactctgaca gtggctgcca tgctctctgt caacaactcc atcttctacc 1380
gaccaaagga caaggtcgtc catgctgaca atgcccgtgt caacttcttt ctccctggcg 1440
gtgaccacct ggttctgcta aatgtttaca cacagtgggc tgagagtggg tactcttccc 1500
agtgtgtcta tgagaacttt gtacagtcca gatcgatgcg ccgagcccgg gatgtgcggg 1560
aacagctgga agggctcttg gaacgtgtgg aagttggtct cagttcctgc cagggggact 1620
atatccgtgt acgcaaggcc atcactgctg gttactttta ccacacggca cggttgactc 1680
ggagtggcta ccgcacagtg aaacagcagc agacagtctt cattcatccc aactcctccc 1740
tctttgagca acagccagcg tggtgctctt accacgaact tgtcttgacc accaaagagt 1800
tcattgagca ggtactggag attgagagca gttggcttct ggaggtggct cccattattt 1860
ataagcccaa qgagctagaa gatcccatg ctaagaaaat gcccaaaaaa ataggcaaaa 1920
cacgagaaga gctagggtaa gagaaggacg taaacagaaac ctgacaccag ctccctttcc 1980
ttctatagat tarrtaatac ctattaaata aaattatttt tggaataaag cttgtgggaa 2040
catttcggtt ctaqaaaaaa aaaaaaa 2067

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1302 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

ctcgagtgga acccatactt gctggctctga tccatgcaca aggcggggct gctaggcctc 60
tgtgcccggg cttggaattc ggtgcggtat gccagctccg ggatgaccgg ccgggacccg 120
ctcgcaaata aggtggccct ggtaacggcc tccaccgacg ggatcggtct cgccatcgcc 180
cggcgttttg cccaggacgg ggcccatgtg gtcgtcagca gccggaagca gcagaatgtg 240
gaccaggcgg tggccacgct gcagggggag gggctgagcg tgacgggcac cgtgtgccat 300
gtggggaagg cggaggaccg ggagcggctg gtggccacgg ctgtgaagct tcatggaggt 360
atcgatatcc tagtctccaa tgctgctgtc aaccctttct ttggaagcat aatggatgtc 420
actgaggagg tgtgggacaa gactctggac attaatgtga aggccccagc cctgatgaca 480
aaggcagtgg tgccagaaat ggagaaacga ggaggcggct cagtggatgt cgtgtcttcc 540
atagcagcct tcagtccatc tcctggcttc agtccttaca atgtcagtaa aacagccttg 600
ctgggcctga ccaagaccct ggccatagag ctggcccaa ggaacattag ggtgaactgc 660
ctagcacctg gacttatcaa gactagcttc agcaggatgc tctggatgga caaggaaaaa 720
gaggaaagca tgaagaaac cctgcggata agaaggtag gcgagccaga ggattgtgct 780
ggcatcgtgt ctttctctgt ctctgaagat gccagctaca tctactggga aacagtgggtg 840
gtgggtggag gaaccgcgtc ccgcctctga ggaccgggag acagcccaca ggccagagtt 900
gggctctagc tcctgggtgt gtctctgcat tcaccactg gcctttccca cctctgctca 960
ccttactgtt cacctcatca aatcagttct gccctgtgaa aagatccagc cttccctgcc1020
gtcaaggtag cgtcttactc gggattcctg ctgttgttgt ggccttgggt aaaggcctcc1080
cctgagaaca caggacaggc ctgctgacaa ggctgagtct accttggcaa agaccaagat1140
attttttcct gggccactgg ggaatctgag gggatgatgg agagaaggaa cctggagtgg1200
aaggagcaga gttgcaaatt aacaacttgc aaatgaggtg caaataaaat gcagatgatt1260
gcgcggcctt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1302

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

tgggcccggc ccgaaccccg cgcgccactc gctcgctcag agggaggaga aagtggcgag 60
ttccggatcc ctgcctagcg cggcccaacc ttactccag agatcatggc tgccgaggat 120

```

gtggtggcga ctggcgccga cccaagcgat ctggagagcg gcggtctgct gcatgagatt 180
 ttcacgtcgc cgctcaacct gctgctgctt ggcctctgca tcttcctgct ctacaagatc 240
 gtgcgcgggg accagccggc gccagcgccg gacaggacga cgacgagccg cccctctgc 300
 cccgcctcaa gcggcgcgac ttcacccccg ccgagctgcg gcgcttcgac ggctccagg 360
 accgcgcgat actcatggcc atcaacggca aggtgttcga tgtgaccaa ggccgcaaat 420
 tctacggggc cgagggggcg tatggggtct ttgctggaag agatgcatcc aggggccttg 480
 ccacattttg cctggataag gaagcactga aggatgagta cgatgacctt tctgacctca 540
 ctgctgcccc gcaggagact ctgagtgaact gggagtctca gttcactttc aagtatcatc 600
 acgtgggcaa actgctgaag gagggggagg agccactgt gtactcagat gaggaagaac 660
 caaaagatga gaggcccg aaaaatgatt aaagcattca gtggaagtat atctattttt 720
 gtatttttga aaatcatttg taacagtcca ctctgtcttt aaaacatagt gattacaata 780
 tttagaaagt tttgagcact tgctataagt tttttaatta acatcactag tgacactaat 840
 aaaatttaact tcttagaatg catgatgtgt ttgtgtgtca caaatccaga aagtgaactg 900
 cagtgtgta atacacatgt taatactgtt tttcttctat ctgtagttag tacaggatga 960
 atttaaatgt gtttttcctg agagacaagg aagacttggg tatttcccaa aacaggtaaa1020
 aatcttaaat gtgcaccaag agcaaggat caacttttag tcatgatgtt ctgtaagac1080
 aacaaatccc ttttttttcc tcaattgact taactgcatg atttctgttt tatctacctc1140
 taaagcaaat ctgcagtgtt ccaaagactt ttggtatgga taagcactag gccgctgtcc1200
 cggtaaccaa_aatggaaatc ttccaaaaca ggaggtctag gctggccaaa aagg 1254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2548 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

gccgcagccc tcattctgcca ccgcagctctg gttggagctg ttgtcttgta tgctcagcga 60
 ggcccggaga gaccggggag agagctaggc cgagtcacc gcccgagtct gctgcccag 120
 cccgcgttac gcacaaagcc gccgatcccc ggcctggggt gaggcagacg accaccgccc 180
 gggagcagcg cggcgagacg caggtgctgc cctatgcccc cgcgccccca ccgccccgc 240
 cgcggcagcc gaagcgacg gagagaacgc gccaccgcgg gccccgggtg cagctagcga 300
 ccctctcgcc acctgcgcgc agcccgagggt gaggcagtag cggcgagcgg gagggcagcg 360
 aggcgttcgc gggccccctc ctgctgccc ggcgcgccc tcatggcggc catccgcaag 420
 aagctggtgg tgggtggcga cggcgctgt ggcaagacgt gcctgctgat cgtgttcagt 480
 aaggacgagt tccccgaggt gtacgtgcc accgtcttc agaactatgt ggccgacatt 540
 gaggtggacg gcaagcaggt ggaggtggcg ctgtgggaca cggcgggcca ggaggactac 600
 gaccgcgtgc ggccgctctc ctaccggac accgacgtca ttctcatgtg cttctcggtg 660
 gacagcccg actcgtgga gaacatcccc gagaagtggg tccccgaggt gaagcacttc 720
 tgtcccaatg tgcccatcat cctggtggcc aacaaaaaag acctgcgcag gacgagcatg 780

```

tccgcacaga gctggccgc atgaagcagg aaccggtgc caccgatgac ggccgcgcca 840
tggccgtgcg catccaagcc tacgactacc tegagtgtc tgccaagacc aaggaaaggcg 900
tgccgcgaggt cttcgagacg gccacgcgc cgcgcgtgca gaagcgctac ggctcccaga 960
5 acggctgcat caactgctgc aaggtgctat gagggccgc cccgtcgcgc ctgccctgc1020
cggcacggct cccctcctg gaccagtcgc ccgcgagccc ggagaagggg agaccctgt1080
cccacaagga cccaccggc ctgcctggca tctgtctgt gacgcctctg gcttgcgccal140
ggacttgccg tgggcaccg gcgccccat cccagtgtct gtgtgcgtcc agctgtgttg1200
cacaggcctg ggctccccc tgagtgcac gggtcccctg agcatgcttt tctgaagagc1260
10 cgggcctcag agtgtgtggc tgtgtgtctg ttgactccc ctgcgccat tttcacccca1320
ccccgcctc tgatccccg ggcgagatt ggccgggag tgtggccgc ccccatcaga1380
tgctcgccct tcaccagcg gagcttgata tccctgtct gtaacataga ccccggtac1440
tgccgggagg gagggctgt ggggaggatg gggggatgt atataaatat agatataatt1500
ttattttcg agctaagatg gtgttattta aggggtgtga tgggtgagcg ctctggcca1560
15 ggctgggcca gactcccgcc caagcatgaa caggacttga ccatctttcc aaccctggg1620
gaagacattt gcaactgact tggggaggac acagcttcag cacagcctct cctgcgggcc1680
agcccgctgc gaaccctcca ccagctaccg gagggaggag ggaggatgcg ctgtgggtt1740
gtttttgcca taagcgaact ttgtgcctgt cctagaagtg aaaattgttc agtccaaga1800
actgatgtta tttgatttat ttaaaggcta aaatttgttt tttattctt tgcacaattg1860
20 tttcattgtt tgacacttaa tgcactcgtc atttgcatac gacagtagca ttctgaccac1920
acttgtacgc tgtaacctca tctacttctg atgtttttaa aaaatgactt ttaacaagg1980
gagggaaaag aaaccacta aattttgctt tgttccctg aagaatgtgg caacactgtt2040
ttgtgatttt atttgtgcag gtcattgcaca cagttttgat aaagggcagt aacaagtatt2100
ggggcctatt ttttttttt tccacaaggc attctctaaa gctatgtgaa attttctctg2160
25 cacctctgta cagagaatac acctgccct gtatatcctt tttccctc cctccctcc2220
cagtgtact tctactaaat tgttgtctt ttttttatt tttaaataaa ctgacaaatg2280
acaaaatggt gagcttatga tgtttacata aaagttctat aagctgtgta tacagttttt2340
tatgtaaaat attaaaagac tatgatgat acatttttat aaaagaaatc ttgtggttta2400
atagtgtgta aaaataacct tgtgaatttg gaacaaggga gatattctcc taggcgagat2460
30 cctttcttc caactcgtt tcccttatag caaatgtagt aaatgaggat gaagtccctt2520
tgagagcatg tgggggttg gtgaccaa 2548

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1673 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH.

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

accaatgcac atgtagtaat caaatgtttg gggctagata ttatgggtata caaaaaacat 60
taaaatcatg tggtttgcaa gcaaagcaaa catttttgcc aatgtttgca aattggccac 120
65 aaccacaaat tcaagaaatt ttttaaaaag acaaaaagca gcttacaag atttgaccaa 180

```


taaaaccct cgagcccaca gccttatcag ctggggctga gggaagactg gtctaggtgc 240
 tgctcttgaa cttgggtctct gagccatggc ttcccataga cactcaggtc cctccagcta 300
 caaggtggcg accatggcgg agaagtttga ctgccactac tgcagggatc ccttgcaagg 360
 gaagaagtat gtgcaaaagg atggccacca ctgctgcttg aaatgctttg acaagttctg 420
 tgccaacacc tgtgtggaat gccgcaagcc catcgggtgc gactccaagg aggtgcacta 480
 taagaaccgc tctgtggcatg acactgtctt ccgctgtgcc aagtgccttc accccttggc 540
 caatgagacc tttgtggcca aggacaaca gatcctgtgc aacaagtgc cactcggga 600
 ggactcccc aagtgcagg ggtgcttcaa ggccattgtg gcaggagatc aaaacgtgga 660
 gtacaagggg accgtctggc acaaagactg cttcacctgt agtaactgca agcaagtcat 720
 cgggactgga agcttcttcc ctaaagggga ggacttctac tgcgtgactt gccatgagac 780
 caagtttgcc aagcattgcg tgaagtgcaa caaggccatc acatctggag gaatcactta 840
 ccaggatcag ccttgccatg ccgattgctt tgtgtgtgtt acctgctcta agaagctggc 900
 tgggcagcgt ttcaccgctg tggaggacca gtattactgc gtggattgct acaagaactt 960
 tgtggccaag aagtgtgctg gatgcaagaa ccccatcact gggtttggtt aagggtccag1020
 tgtggtggcc tatgaaggac aatcctggca cgactactgc ttccactgca aaaaatgctc1080
 cgtgaatctg gccacaagc gctttgtttt ccaccaggag caagtgtatt gtcccgaactg1140
 tgccaaaaag ctgtaaaactg acaggggctc ctgtcctgta aaatggcatt tgaatctcgt1200
 tctttgtgtc cttactttct gccctatacc atcaataggg gaagagtggc ccttcccttc1260
 tttaaagttc tccttcctgc ttttctccca ttttacagta ttactcaaat aagggcacac1320
 agtgatcata ttagcattta gcaaaaagca accctgcagc aaagtgaatt tctgtccggc1380
 tgcaatttaa aaatgaaaac ttaggtagat tgactctctt gcatgtttct catagagcag1440
 aaaagtgtca atcatttagc cacttagtga tgaagcaag aagcatagga gataaaaccc1500
 cactgagat gcctctcatg cctcagctgg gacccaccgt gtagacacac gacatgcaag1560
 agttgcagcg gctgtccaa ctcactgctt caccctgtt ctgtggagcc gggagaagg1620
 accctactgg accatggcat ggggttaact ttctcatca ggactctggc cct 1673

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1593 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

ggggccagga cgccgccgg cgcgagtggt ctgcctgctg cggggacact cagagcccgg 60
 tgggcgggag gaagcgggca tgccccagac ggtgatctc ccggggccctg cgccctgggg 120
 cttcaggctc tcagggggca tagacttcaa ccagcctttg gtcacacca ggattacacc 180
 aggaagcaag gcggcactgc caacctgtgt cctggagatg tcatcctggc tattgacggc 240
 tttgggacag agtccatgac tcatgtgat gcgcaggaca ggattaaagc agcagctcac 300
 cagctgtgtc tcaaaattga caggggagaa actcacttat ggtctccaca agtatctgaa 360
 gatgggaaag cccatccttt caaaatcaac ttagaatcag aaccacagga attcaaacc 420

```

attggtaccg cgcacaacag aagggccag cctttigtg cagctcaca cattgaigac 480
aaaagacagg tagtgagcgc ttctataaac tcgccaaactg ggctctatfc aactagcaat 540
atacaagatg cgcttcacgg acagctgcgg ggtctcattc ctagctcacc tcaaacgag 600
5 cccacagcct cggtgcccc cgagtcggac gtgtaccgga tgctccacga caatcggaat 660
gagccacac agcctcgcca gtcgggctcc ttacagagtgc tocagggaat ggtggacgat 720
ggctctgatg accgtccggc tggaacgcgg agtgtgagag ctccgggtgac gaaagtccat 780
ggcgggttcag gcggggcaca gaggatgccg ctctgtgaca aatgtgggag tggcatagtt 840
ggtgctgtgg tgaaggcgcg ggataagtac cggcacccctg agtgcttcgt gtgtgccgac 900
10 tgcaacctca acctcaagca aaagggtctac ttcttcatag aaggggagct gtactgcgaa 960
acccacgcaa gagcccgac aaagccccc gagggctatg acacggtcac tctgtatccc1020
aaagcttaag tctctgcagg cgtggcacgc acgcacgcac ccacccacgc gcacttacac1080
gagaagacat tcatggcttt gggcagaagg attgtgcaga ttgtcaactc caaatctaaa1140
gtcaaggctt tagaccttta tcctattgtt tattgaggaa aaggaatggg aggcaaatgc1200
15 ctgctatgtg aaaaaaacat acacttagct atgttttgca actctttttg gggctagcaa1260
taatgatatt taaagcaata attttttgta tgtcatactc cacaatttac atgtatatta1320
cagccatcaa acacataaac atcaagatat ttgaaggact ctaattgtct ttccttgaca1380
agttgatatt gcaattgtgg taaatagcaa ataacaatct tgtattctaa cataatctgc1440
agttgtctgt atgtgtttta actattacag tgcattgttag ggagaaattc cctgaatttc1500
20 tttagttttg tattcaaaac attatgccac tcgatgcaac aaacataata aatacataaa1560
agatttaaaa aataaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaa 1593

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 572 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

cattcttttg gcgtgagtca tgcaggtttg cagccagccc caaagggggt gtgtgcgcga 60
gcagagcgtc ataaatacgg cgctcccag tgcccacaac gcggcgctgc caggaggagc120
gcgcgggcac aggtgcccgc tgaccgaggc gtgcaaagac tccagaattg gaggcattgat180
gaagactctg ctgctgtttg tgggctgct gctgacctgg gagagtgggc aggtcctggg240
55 ggaccagacg gtctcagaca atgagctcca ggaaatgtcc aatcagggaa gtaagtacgt300
caataaggaa attcaaaatg ctgtcaacgg ggtgaaacag ataaagactc tcatagaaaa360
aacaacgaa gagcgcaaga cactgctcag caacctagaa gaagccaaga agaagaaaga420
ggatgccta aatgagacca gggatcaga gacaaagctg gaggggctcc caggagtgtg480
caatgtgacc gtggtgggccc tctggggaga gtgtaagccc ttccttaaac agacctgcat540
60 gaagttgtcg aacgggtgtt cagaaagtgg ct 572

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2520 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16 30

cgctcctcta cccaattttt ttttttagag atgaaaggct gcagaaatgt ttattgaata 60
cagtgccagg tttataaata aaacgtattt acaatttcca tagagttggt ccccatcag 120
agaggtggtt aaatctccaa acagtttatt tcaagattta cagaaacgtc caagtacatc 180
tccttttcaa atagccatgg tgaagggcaa ctccagtaac aaaagaacta ccaccatctt 240
tgctacagaa gtgtttaata aacatcataa tagatttgga gaaagaacac acactccacc 300
catgccacta ccttcttact ccaagggata cagacagcaa agaatttctg tctcctacag 360
gacaacttca ggggattaaa aaaacagtaa ctgccagctg gagggataga ttaagacaca 420
ttagtggaat tctagtcact gccaaaggag aaatatattt aggatataca ataaataatt 480
caaagtctta aaataattga atgaacggaa gagtagactt gaccaaattt acattcgttg 540
ttcaggaaga gattcccagt atgctgaggg gtctcgtgga agctattcct ctgacgagac 600
acagcagcgc tgggcctact gcacagccgt tcattacaat attgttaca gtacaatcag 660
acatgcattt ataaagagaa tataaaaata tgtacaatag ctcatatttca atgtgtgtaa 720
gttgccgaaa gacaccaatg aaagtgtgca aaaattcatt tgtcaaaaaa tcagaaaaag 780
ccttccttgg caacagtgca tcaaaagccc atctgaata tcgagatcca ttgcctcgc 840
tcaacaccta ccccaaacag atggagaaca aaactatgaa aggggttgcc aagtactcag 900
cagtttctta tggcaagtct caggctaaag caggatgcca gttcaactaa tcactttata 960
tataaatata tgtatatatt tatagagtag ttagaagtag gggcaagagt ttacaggaag 1020
gtcctaacca acttcaaggg cactgccagg acaccagct atttcctctc acaaactcat 1080
gcagactaac acccaacgcc tgggctggtc atcccccaa ataccagggc ggaaggctac 1140
agtggattct gcctcacctc tgctcaaaac tggaactcag cattccctgg agggggaggg 1200
tgtagggttt ctggttccca gacacgatcc tggccataca agaattcctgt ttcaaaggta 1260
gtcttttagg atacgtgca ggaccactaa gaggccaccc agcttcttaa gacttgaggg 1320
ttagaaggct acatttcgaa aaaacaagtc aaatatcccc ctccagcccc ctttgaaact 1380
accgagaggt catcgaccac aggcctgaga ctgggtcagc aatcaggctc tttgaccacc 1440
ccctgccaca agaaatatcc aggacattaa ctactcaaa ccaggaaccc tatctcacca 1500
gaagagaaac cccaaggtaa ccttaggcat tcctttcaga ttcaggtaat tacaaaagcc 1560
aacccttagc tcatagtgtc aacatctcct ctaccaacca ccagcccaa ggaccagtag 1620
cagaagcaca tgggcgatgt ctcccctcca ctgctctgac ccacccctct ggcagaaaat 1680
ctaacaagct acaaaatgcc agaaagacag ggagtaggag aaggagaagc caagggtctc 1740
tataaatcag cctggaatgc acccatttgg ctgccaaag ctctcactg ccttgctagc 1800
agcctgccac tgttccctgg caaattgaaa ccaccacgc aaacactcaa aacccaatc 1860
tccttgctaa taagatacaa ccagttaaca ccgtgaaaaa tgcacatctc cagccttcat 1920
ttcaaaaaag agctctgtac taaatgcaat atgcttttaa agggggtttt acagggacca 1980

```

atctcaatgc aaagaccagt accagatgtc tgagttttgg ttacagggtt ataattagac2040
acaaaattca ctccacactg gagttttact ttcaagctgg aagctagcat tagttctact2100
tggggggaaa aaagcaaaagt caagtcaact tgggaaaaaa aaaaaaagga ggaggaggct2160
aagtataatc ataaattaaa agtcgcgaat caaagggtgac tggtagtgtc ttttaggcat2220
gaagagactg gcttacaaaa gtgactactg cttctaccac acacagcgaa gattgaatta2280
cagacacact aaatcatgtc tcttgcatgt ggtctcaagt agttacataa gacaggtaat2340
cagcagcaca attgagaaca acccctaaat acatgcttga gagaaagtgg gttttttttt2400
tccttaagag ctctactgcc tgaatagatc attaaaagtt accataattc accttcccccc2460
ctccccccag tgaaaatgca actagaccta catgttccat aaataggatg aagtcctctgc2520

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1722 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

cattgtttgc caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctgggta cttctgcccc 60
tagtcaccat ggcctggggc cagtatggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120
actacagcga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180
aggggagcgg gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaaggaagg tctgacagac 240
aatggaacta cgcctgcatg cccacaccac agagcctcgg ggaacccacg gagtgtctgg 300
gggaggagat caacagggct ggcattggaat ggtaccagac gtgctccaac aatgggctgg 360
tggcaggatt ccagagccgc tacttcgagt cagtgtctga tcgggagtg cagttttact 420
gttgtcgcta cagcaagagg tgcccatatt cctgctggct aacaacagaa tatccaggte 480
actatggtga ggaaatggac atgatttcct acaattatga ttactatata cgaggagcaa 540
caaccacttt ctctgcagtg gaaagggatc gccagtggaa gttcataatg tgccggatga 600
ctgaatacga ctgtgaattt gcaaatgttt agatttgcca cataccaa atctgggtgaaa 660
ggaaaggggc cggggacagg aggggttcca catatgttaa catcagttgg atctcctata 720
gaagttttctg ctgctctctt tcttctctcc tgagctggta actgcaatgc caacttctctg 780
ggcctttctg actagtatca cacttctaata aaatccaca attaaaccaa gtttctcact 840
tttcacatgt ttcatagcaa ctgctttata tgactgatga tggcttcctt gcacaccaca 900
tatacagtgc gcatgcttac agccgggctt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960
tttttactgc agaatgaact gcaagttcag catagtggag gggagaggca gaactggagg 1020
agaggtgcag tgaaggttct ctacagctaa gcctgtttga atgatacgta ggttccccac 1080
caaaagcagg ctttctgccc tgaggacat ctccaccct ccctgtctca catgagccat 1140
gcatgcttag caatccaagt gcagagctct ttgctccagg agtgaggaga ctgggaggtg 1200
aaatggggaa atggaagggt ttggaggcag agctgaaaac aggggttgaa ggatttctctg 1260
aattagaaga caaacgttag cataccagat aaggaaaatg agtgagggg ccagggggaa 1320
ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaaggaag cagagaatgg tcagagaatg 1380

```

DE 198 18 620 A 1

```

ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgaccagg ttgaactggg aagtggaaa1440
aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tcctaggaag gctggcagac1500
accctggaac cctggggagc tactggcaaa ctctcctgga ttgggcctga tttttttggt1560
gggaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgca1620
gagatggcgc tatctttcct cctcctgtga tgtcctgctc ccaaccattt gtactcttca1680
ttacaaaaga aataaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

tgaccaagaa acagggccta aggatcattt tctcgatgc atcacggctc atcttccggc 60
tcagttcctc cagtgggtgt cgggccaccc tgcagactgt acgcagagag ctacgagagg 120
gatcccagcg gccatgacca ggagccacag gcagtgtctga gccctctcat agcctatcgca 180
ctgaaaatat cccagattca tgagagaact ggccggaggg gacctactgt catcacotga 240
atagaggaaa gatcaetcac cagggccaaa gagagtgtct agcgggagat gcttctactga 300
tgcttctctt ctacctgttt gtgcctctta tgactttgga aaaacaaaag atattttgct 360
tttgggggat agaggggtgg tgggaaaaga aaaaaaatcc atttggtttt ggttttgtcc 420
tattctctca aatgcagcag gccctttagt tgtctgttaa agctgcacta taatttggtta 480
tctacatttt atcacacaaa ggaacctccc cttttgacaa caactgggct aggcagctgt 540
taatcacaac atttgtgcat cacttgtgcc aagttagaaa atgttctaaa atcacagag 600
agaacagtgc cagaatgaaa ctgacctaa gtcccagggt cccctgggca ggcagaagga 660
gacactccca gcatggagga gggtttatct ttctatccta ggtcagggtct acaatggggg 720
aaggttttat tatagaactc ccaacagccc acctcactcc tgccaccac ccatggggcc 780
tgctccccc atccatccc caacatccct gtaccacctt ctctcacatc ttctaaagct 840
ttgtacaaat cacaatggtg cacttccaac aaaatatatc aataggtgtt ttctctctct 900
attttgtaaa tagtattatt ttagctatta agctggatag cttctttcaa attcagccat 960
tcagttgtaa agttgggaag aagtttcttg acaagactct gcaattaaat gcttaaaatt1020
tggaggggat cttccttgga ttacatcaag tatgttggtta catgggttta tacaagttcc1080
tcttgagaag gcaaaaagac caccatgtgt gagagctctt tgacttggcc aataggggcc1140
tatcttaatg cacttgtttg gacacatttc tgatcttatt tgtaaaggct gcaaaaggag1200
aggatgaaat gctgtaaaag taggaaatga agtggaagct ggaagaaaat gtaattgggt1260
gtacagctat gggccagatg gtggagggga ggggtggggc ccctgccggc aagcagagtg1320
tcacagctgg ctttctcacc ttgggaaaag ggtactgccg gtctagcagc ctctctgtal1380
ctcagccagg acaccagcg cgtgggacct gtttgtgtct gttttgcttc cttgggaacg1440
gcacagtcac tcacctgcc atttgcggaa atgacctggt gcactttgac tgttaagcaal1500
tgcgttattg ctgtagtcaa ggttagtgca agcaaggaaa cattcccagt aaggtatttg1560

```

40

45

50

55

60

65

DE 198 18 620 A 1

tttccatttt ctgtctgtgc ttctgtcaga aacttgctag gacttttagtg gccataaaaa1620.
aagaaattcc taatttcaac cttaaaaa 1648

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1102 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```
tgcgccgcgg gctgggtccc accagggaga agcagaattt gccgcgcatca tgagcattgt 60
ggaccccaac cgcttggggg tagtgacatt ccaggccttc attgacttca tgtcccgga 120
gacagccgac acagatacag cagaccaagt catggcttcc ttcaagatcc tggctggga 180
caagaactac attaccatgg acgagctgcg ccgcgagctg ccaccgcacc aggctgagta 240
ctgcatcgcg cggatggccc cctacacggg ccccgactcc gtgccagggtg ctctggacta 300
catgtccttc tccacggcgc tgtacggcga gagtgcctc taatccaccc cgcccgccg 360
ccctcgcttt gtgcgccgtg ccctgccttg cacctccgcc gtgccccatc tcctgcctgg 420
gttcggtttc agctcccagc ctccaccggg gtgagctggg gccacgctgg catcgatcct 480
ccctgcccgc gaagtgcagc tttaaaaaat tattttctgc aaaaaagaaa aaaaagttac 540
gttaaaaaac aaaaaactac atattttatt atagaaaaag tattttttct ccaccagaca 600
aatggaaaaa aagaggaaaag attaactatt tgcaccgaaa tgtcttggtt tgttgcgaca 660
taggaaaaata accaagcaca aagttatatt ccatcctttt tactgatttt ttttcttct 720
atctgttcca tctgtgtat tcatttctcc aatctcatgt ccattttggt gtgggagtcg 780
gggtaggggg tactcttgtc aaaaggcaca ttggtgcatg tgtgtttgct agctcacttg 840
tccatgaaaa tattttatga tattaagaa aatcttttga aatggctgtt ttttaaggaa 900
gagaatttat gtggcttctc atttttaaat cccctcagag gtgtgactag tctctttatc 960
agcacacact taaaaaattt ttaatatgt ctattaaaa taggacaaac ttggagagta1020
tggacaactt tgatattgct tggcacagat ggtattaaaa aaaccacact cctatgacaal080
aaaaaaaaa aaaaaaactc gg 1102
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

gcgcgctgat tggacgcgtg gggcgaggcg gaggagagcc gtgcgcacgg cgtatgtggg 60
gccgtgtgca gaccgcgctg tggcgaggcg aaggaccctc aaaataaaca gcctctacct 120
tgcgagccgt cttccccagg cctgcgtccg agtctccgcc gctgcgggcc cgctccgacg 180
cggagatct gactgcagcc atgagcagca atgagtgtt caagtgtgga cgatctggcc 240
actgggcccc ggaatgtcct actggtggag gccgtggtcg tggaatgaga agccgtggca 300
gaggtttcca gtttgtttcc tcgtctcttc cagatatttg ttatcgctgt ggtgagtctg 360
gtcatcttgc caaggattgt gatcttcagg aggatgcctg ctataactgc ggtagagggtg 420
gccacattgc caaggactgc aaggagccca agagagagcg agagcaatgc tgctacaact 480
gtggcaaac aggccatctg gctcgtgact gcgaccatgc agatgagcag aaatgctatt 540
cttgtggaga attcggacac attcaaaaag actgcaccaa agtgaagtgc tatagggtgtg 600
gtgaaactgg tcatgtagcc atcaactgca gcaagacaag tgaagtcaac tgttaccgct 660
gtggcgagtc agggcacctt gcacgggaat gcacaattga ggctacagcc taattatttt 720
cctttgtcgc ccctcctttt tctgattgat ggttgattta ttttctctga atcctcttca 780
ctggccaaag gttggcagat agaggcaact cccaggccag tgagctttac ttgccgtgta 840
aaaggaggaa aggggtggaa aaaaaccgac tttctgcatt taactacaaa aaaagtttat 900
gtttagtttg gtagaggtgt tatgtataat gctttgttaa agaaccctt ttccgtgcc 960
ctggtgaata gggattgatg aatgggaaga gttgagtcag accagtaagc ccgtcctggg 1020
ttccttgaac atgttcccat gtaggaggta aaaccaattc tggagtgct tatgaacttc 1080
cataaataac tttaatttta gtataatgat ggtcttggat tgtctgacct cagtagctat 1140
taaataacat caagtaacat ctgtatcagg ccctacatag aacatacagt tgagtgggag 1200
taaacaaaaa gataaacatg cgtgttaattg gctgttcgag agaaatcgga ataaaagcct 1260
aaacaggaac aacttcatca cagtgttgat gttggacaca tagatgggtg tggcaaagg 1320
ttagaacaca ttattttcaa agactaaatc taaaaccag agtaaacatc aatgctcaga 1380
gttagcataa tttggagcta ttcaggaatt gcagagaaat gcattttcac agaaatcaag 1440
atgttatttt tgtatactat atcacttaga caactgtgtt tcatttgctg taatcagttt 1500
ttaaagtcga gatggaaaga gcaactgaag tcctagaaaa tagaaatgta attttaaact 1560
attccaataa agctggagga ggaaggaggaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

ggagggcgcg ggagagtagg gtgctgtggt ctgagctaga ggggtgaagct ggaggacagg 60
aggatgggag tatgcagggt atagactaga gaacaagacc tctgtctccg tagcatcctg 120
ggcggagcagt ctgaatgccg gaatggataa ccgttttgct acagcatttg taattgcttg 180
tgtgcttagc ctcatttcca ccatctacat ggcagcctcc attggcacag acttctggta 240
tgaatatcga agtccagttc aagaaaattc cagtgatttg aataaaagca tctgggatga 300
attcattagt gatgaggcag atgaaaagac ttataatgat gcactttttc gatacaatgg 360
cacagtggga ttgtggagac ggtgtatcac catacccaaa aacatgcatt ggtatagccc 420
accagaaagg acagagtcac ttgatgtggt caaaaaatgt gtgagtttca cactaactga 480
gcagttcatg gagaaatttg ttgatcccg aaaccacaat agcgggattg atctccttag 540
gacctatctt tggcggtgac agttcctttt accttttggt agtttaggtt tgatgtgctt 600
tggggccttg atcggaactt gtgcttgcat ttgccgaagc ttatatccca ccattgccac 660
gggcattctc catctccttg caggctctgtg tacactgggc tcagtaagtt gttatgttgc 720
tggaattgaa ctactccacc agaaactaga gctccctgac aatgtatcog gtgaatttgg 780
atggtccttc tgccctggtt gtgtctctgc tcccttacag ttcattggctt ctgctctctt 840
catctgggct gctcacacca accggaaaaga gtacacctta atgaaggcat atcgtgtggc 900
atgagcaaga aactgcctgc tttacaattg ccatttttat ttttttaaaa taatactgat 960
attttcccca cctctcaatt gttttaattt ttaaattggg ggatatacca ttttattatg 1020
gaaaatccat ttaatttata caccattcac cactaaatac ccccttaat accccctaaa 1080
atttaagggg ggttacctta aagcgatg                                     1108

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 675 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

agggaaagag agagagaggc ctagacgaac acaatcacat gttttctttg ctgttcctcc 60
cgggatgggc ctgttttggg gtttgggact ctgaaccgga gcgggggttc ttcgcttgac120
tttgatcctg gtccttaaat gcctttcccc actccctcc cgtgggttca ggggccaagc180
ggccctcct cagagcacgg gcagcaccgt ctctggacc cctgtgtgcc agcctctgca240
gacgcagctg gtgggagga gcatggattt ggaggtggag aagtcactcc tggtcctcgg300
aggggtggg ctgtgtgcct agttcagtg gactcgggga ttggtgagg cggaacaggtt360
tctgaggcct ccttagcctt ctttgtaaat tcacacgaga tagtccagg ctttccagcg420
cccagcttg atgataatcc tctgtgtccc cactctaagg cctccttgag atttcttgg480
ggtctaccac gtcctctgcc tgtctccagg tggtaacagga gatgtggttc ctgtccctct540
cctgggtccc tagggggccc cagggccct cctgtagct tttagtgacc ccatggtggt600
gggtgtggg tctgtgcgcg tgctcaggta agcttgggg ctcaggtaa gcggtcccga660
agaacggggg gggag

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 350 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```

agcagagcaa ggttgggttc gctcctctgg cagaacctcg gctctcagga ggtccttgtt 60
ccagggaaca gctgcttctc tgggggctgg ggcttctaac ttccctggca gccctcggc120
actaaccag ctggaacca ggggaacaaa cgccctggag tgccaaacc ttctgtctta180
tttttccag aaaaacggg gcaatggctg ttgaggagcc catttgggaa gaactggtgc240
ctctaattgg gcaaatggat tctgcagggg gctgcagttg ggcagggaaa attccttcaa300
acaagggggt ccacccaaa ccaggcccc gcttcaaatg gccagaaaa 350

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

ccccccctcc tccggctttt ttttttttat ttaagaaaat ttattttctac ttctacagca 60
gaaatacggg aatgggtacag gtttgggcaa atcatacttt atgaaatgga tcctcatacc120
acatcccttt taatacaggc acgttataac ataattcctg gattttcaaa atccagccaa180
cacggatacc tctgctactc tgttttgcc ttcatactg ctctctctt cagacgagct240
ttcttttcta agttcaagct tgttaaagtc tegtgtctt ggcagcctt ctgcccctca300
ataaccatga agatgcatcc taccaccgtc agggcaatca ttagatagct gatcttctact360
cgcatcttgt tctttgcagc atcaagcatc tccaacgaga cagtctctgg gatttcatct420
tcctttttga agcgacctga ccatatgagg atctttttct gccaatccgt aggttttgt480
aaaggcactc tgttgtaagt gcgggatgga gctccgggac ttctctgtgg ttttgtgcaa540
aatccattta ttctcttcaa atcagagctt ctggtaagcc ttagagatga ggaaacatct600
ctttcacata acctaaaaca gcttcctgct gccaggcgca gaccgctgag gctcccatg660
gccacttgct actccgcgca ccagcgaga acttcgccc ggacgggtggc gctggtgagc720
tcaatgtcac ccagcggttg agtggg                                     746

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 217 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

agtgtatggc agcaaatgag ggatcataac tctcagttta ttgatgatta ttcacacctca 60
gatggaggag tttatccgtc agccacttca gtttcgtctt aaaacaggag cccacaggac120
ccaaggaact attaaggagg accaggaacc taggtttttt ctttcaaaaa attggcccta180
gcccaataaa tgaaggaaaa aattaggcac cttttttt                217

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 392 Basenpaare

15

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

40

```

gcggatccgg cgttctccac tgatcttttc caaggctgta cagacatggc ggcggctttt 60
cggaaggcgg ctaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagcagtga ctaccgtaaa120
aaacaagaat acctcaaagc tcttcggaag aaggctcttg aaaaaaatcc agatgaattc180
tactacaaaa tgactcgggt taaactccag ggtggagtac atattattaa ggagactaag240
gaagaagtaa cccagaaca actaaagctg atgagaactt caggacgtca aatatatagg300
aaggggaagag ggtgcagaag ctaagaaaat cgaagactaa aatcagggcc catctgcggg360
ttgcagggga ggcaggaaaa ggttgttttt tt                392

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1796 Basenpaare

55

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

15  cggctcgaac gtattagttg ttcttaattt ttttcccagt aaaatatgga tcttttaaga 60
    agaattttgag aagcaaacaa ttacatgtca tgtcaagggg gtagcagatt ccattcgttt 120
    tcaatattgc cacaataccc agggattaat gctgccacag gggggcaatc tttatttgtc 180
    ttacttctta ccccttccct gttctgcctc ttttaactcag ttaagttggt ctgtttggga 240
20  ccctggaaaag aacccaaaaga aaacctgagt ggacagggtc atttctggaa tgcagaaaac 300
    attttaaaagg ctagattttt agaataattct caactagcat tctttccatt gatttgaagg 360
    ggaaatttaac tattataatc tcttgaatcc aaaactggat attaagaact tccccctta 420
    ctaagtttaa gacttttgct atgtggtgag tcaaataaga ccattttgat tgtaaacca 480
    aaaatagttc agcaagtagc ccacagttct ggcctaacag cagacttgct gttttcactt 540
25  ggtatcctcg agttgggttg ctaaccttaa tttctatgat gttttctaaa atgaaacttg 600
    ataaagtaga ccaccagctg caccgtgttt tctgtaaaag tattgttagt aagtggccaa 660
    gagacttgag gaaaatacag attttttggt taccttggtc ttgttttaag tcttaaaaaa 720
    ttaaagataa cattataatg tagaatacag atgggacata gtccttgtaa gcttcccttg 780
    aaaatgtttt aaatatttag gaagctttta aaagacacta aattgtactc taaaagacac 840
30  taaattgtac taattgtaca aaggtcaagc caattttatg aaacagtcct acagagtaat 900
    atatgtgatg cagtgttaag aggaaaatac tcatctctaa cattatggta ataacattta 960
    gacctttagg agtggagaca gggggatggg taattacaga tttgcagact atagaaagag 1020
    ttccattttt ttgtgacccc acagagtcct aaatttttat ttcactacct gctagagcct 1080
    actgtgaaat cactgtccca tatttgccag tggaggaaat gggcatagag tagagaatag 1140
35  cttcatatgt ttacacgttt gcatagacta cacacatgtc atgcgtttat ggcaggtagc 1200
    tgggtattat tccccaaagt aataatgttg aagtatgggt ctcatcattc ccatacacag 1260
    aaacacaaaa cactttgatc ataaactttt ttcttcagaa gccaaactaa cttgcagaat 1320
    aatagagcca ctggtttaat gtttccctca gatagggttt agtgaagct agtattctgt 1380
    gtgttcctag aaatgattca atacctgcag ctggtgaatt aggaattgta tttgttgcc 1440
40  tttttatat agatgagggt caaaaatttt aatgctagtc agtatgcacc accacaggaa 1500
    agttagatcc cattagcact tgaaactaca gctttggaaa cttaggctaa gttaatttgg 1560
    atttgttact tgattcacct actgaccttt tcttttggtt gaagtgccta tcagcataat 1620
    gagctaagtg tcatgcatat ttgtgaagaa acaccctttt tggccctttt tgggacagag 1680
    aggtactcct tgatctttat gaatgacagg ttactgtttt gccttattgc ttaacttaat 1740
45  gtagtgaaat aaagcagaca aagcttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa tcgacg 1796

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 575 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```
ctgaagagca gatcagaggc aggggaaaac cacgcagaag caggagctga agacctcaga 60
ccggcaccag ggacagctta atgaagacaa actgaagggg aaactgagat ccttagaaaa120
ccagctatac acctgtaccc agaaatactc cccttgggga atgaaaaaag tactactgga180
gatggaagac cagaaaaaca gctatgagca gaaggccaag gagtcaactgc agaaagtgc240
ggaggagaaa atgaatgcag agcagcaact acagagcaca cagcgatccc tggccctggc300
agagcagaag tgtgaagagt ggaggagcca gtatgaggct ctgaaggagg actggaggac360
ccttgggacc cagcacaggg agctggagag ccaactccac gtgcttcagt ccaaactgca420
ggggagcaga tagcaggac ttacagatga acccaggccc ttcgattttt ggaaaatgag480
caccaggaa cttcaggcca agattgattg ccttcaaagg ggacagagac ctttgcaact540
tgggtaccca gggcctgcaa gatcaactga aaagg 575
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29

```
gaagaaaaag aggaggaaaa aggtaggagg aaataaaggg aggagagaag cacagtgaag 60
gaaaaaaaaa gtcccttttc gacatcacat tcctgtgttt tccctcagcc tggaaaacat 120
attaatccca gtgcttttac gcccgaaaac aaagagacta agccagacta tgggggaaag 180
ggagataaga aggatcctgg aactttaaag agggaaagag tgagattcag aaatcgccag 240
gactggactt taaggggacgt cctgtgtcag cacaaggggac tggcacacac agacacacga 300
gaccgaggag aaactgcaga caaatggaga tacaagacta tagaaggaca gctcctttca 360
cctcatccta cttgtccaga aggtaaaaag acacagccag aaagaaaaag catcggtcca 420
gctctcagat caggacaggc tgtggatctg tggcgttact ctgaaagctg gagctgcagc 480
```

```

acaccccttt tgtattgctc accctcggtg aagagagaga gggctgggag gaaaagtagt 540
tcattctagga aactgtcctg ggaaccaaac ttctgatctc ttctgcaacc ctctgcatlc 600
catctctatg agccaccatt ggattacaca atgacatgga gaatgggacc ccgtttcact 660
5 atgctgttg ccatgtggct agtgtgtgga tcagaacccc acccccatgc cactattaga 720
ggcagccacg gaggacggaa agtgcctttg gtttctccgg acagcagtag gccagctcgg 780
tttctgaggc aactgtggag gtctcgcgga attgagagat ccactctgga ggaaccaaac 840
cttcagccctc tccagagaag gaggagtgtg cccgtgttga gactagctcg cccaacagag 900
ccgccagccc gctcggacat caatggggcc gccgtgagac ctgagcaaag accagcagcc 960
10 aggggctctc cgctgagat gatcagagat gaggggctct cagctcggtc aagaatggtg1020
cgtttccctt cggggtccag ctctcccaac atccttgcca gctttgcagg gaagaacaga1080
gtatgggtca tctcagcccc tcatgcctcg gaaggctact accgcctcat gatgagcctg1140
ctgaaggacg atgtgtactg tgagctggcg gagaggcaca tccaacagat tgtgctcttc1200
caccaggcag gtgagggaag aggcaagggt agaaggatca ccagcgaggg ccagatcctg1260
15 gagcagcccc tggaccctag cctcatccct aagctgatga gcttctgaa gctggagaag1320
ggcaagtgtg gcatggtgct gctgaagaag acgctgcagg tggaggagcg ctatccatat1380
cccgttaggc tggaaagccat gtacgaggtc atcgaccaag gcccatccg taggatcgag1440
aagatcaggc agaagggctt tgtccagaaa tgtaaggcct ctggtgtaga gggccagggt1500
gtggcgagg ggaatgacgg tggaggggga gcaggaaggc caagcctggg cagcgagaag1560
20 aagaaagagg acccaaggag agcacaagtc ccaccaacca gagagagtcg ggtgaaggtc1620
ctgagaaaac tggccgccac tgcaccagct ttgccccaac ctccctcaac cccagagcc1680
accacccttc ctctgcccc agccacaaca gtgactcggt ccacgtcccg ggcggtaaac1740
gttgctgcaa gacctatgac caccactgct ttccacca cgcagaggcc ctggaccccc1800
tcaccctccc acaggccccc tacaaccact gaggtgatca ctgccaggag accctcagtt1860
25 tcagagaatc ttaccctcc atcccgaag gatcagcaca gggagaggcc acagacaacc1920
aggaggccca gcaaggccac cagcttgagg agcttcacaa atgccctcc caccaccatc1980
tcagaaccca gcacaagggc tgctggccca ggccgtttcc gggacaaccg catggacagg2040
cgggaacatg gccaccgaga cccaaatgtg gtgccaggtc ctccaagcc agcaaaggag2100
aaacctccca aaaagaaggc ccaggacaaa attcttagta atgagtatga ggagaagtat2160
30 gacctcagcc ggcctactgc ctctcagctg gaggacgagc tgcagggtgg gaatgttccc2220
cttaaaaaag caaaggagtc taaaaagcat gaaaagcttg agaaaccaga gaaggagaag2280
aaaaaaaaga tgaagaatga gaacgcagac aagttactta agagtgaana gcaaatgaag2340
aagtctgaga aaaagagcaa gcaagagaaa gagaagagca agaagaaaaa aggaggtaaa2400
35 acagaacagg atggctatca gaaacccacc aacaaacact tcacgcagag tccaagaag2460
tcagtggccg acctgctggg gtcttctgaa ggcaaacgaa gactccttct gatcactgct2520
cccaaggctg agaacaatat gtatgtgcaa caacgtgatg aatatctgga aagtttctgc2580
aagatggcta ccaggaaaat ctctgtgatc accatcttcg gccctgtcaa caacagcacc2640
atgaaaaatg accacttttc gctagataat gagaagccca tgcgagtggg ggatgatgaa2700
40 gacttggtag accagcgtct catcagcgag ctgaggaaaag agtacggaat gacctacaat2760
gacttcttca tgggtgctaac agatgtggag ctgagagtca agcaatacta tgaggtacca2820
ataacaatga agtctgtgtt tgatctgatc gatactttcc agtcccgaat caaagatatg2880
gagaaccaga agaggggggt tttttttaa gggggaaaaa cgcccc 2927

```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 734 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

tccgtggggc tttaaaaaat ggttgtgggt gtgtgggttt ttttgaggtg ggagaggatg 60
tgtgaaaatc ttttccaggg aaatgggttc gctgcagagg taaggatgtg ttcctgtatc 120
gatctgcaga caccagaag gtgggtgcac actgcatgct tgggggtgcc aagggttcg 180
agacctccaa cataactgtc tgaagctcgt gccgctggcc atggcccctc tgccaagcct 240
gtgtgcgatg cccttgggtc tttagtgcga gaagcctagg ctcagaagca cagcagcgcc 300
atctttccgt ttcagggtt gtgatgaagg ccaaggaaaa acatttatct ttactatctt 360
acctacgtat aaagttttag ttcattgggt gtgcgaaaca ccctttttat cactttttaa 420
tttgacattt atttttttt tccatgctt gttctctgga catttgggga tgtgagtgtt 480
agagctgggt agagaggagt caggcgccct tcccaccgat ggtcctggcc tccacctgcc 540
ctctcttccc tgctgatca ccgctttcca atttgccctt cagagaactt aagtcaagga 600
gagttgaaat tcacaggcca gggcacatct tttatttatt tcattatgtt ggccaacaga 660
acttgattgt aaataataat aaagaaatct gttatatact tttcaaaatc caaaaaaaag 720
tagggagggt aagaaaaagg gcg

```

10

15

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1667 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

41

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

agagccaata gcatgggggt tacaaggcaa agatagtcac tcattcaaca catattcata 60
gagctccttc tctgtgccag acactgttct ggaagatagc tagatgaaaa tctttgcact 120
cacagagctt acatgccagt gagtgaagat cgatgataaa taaagcaaat gcatcatatg 180
ttcacatttg ataagtatat gccaaaaaat gaagccggga aggaggacaa ggcccatggg 240
tgggtgttga ggtttttaa gtgtggtcag gaaaggcccc actgataagg taacatttga 300
gcaagtctga aaaaggcaag gggatctttg gggctaactt cgggatccct gcactttatg 360
taagaatgta aacctggagt ctcatttaag aatgatcagc aatacgttta gaacatatga 420
actgaatgaa atggacattt tttcttaatt tacgtataaa tccatgatgat tatacataaa 480
gttctgatgc attaataaaa gcagccaaat agggccaaag agaaaaataa caggactctg 540
tactggacct aactttatca ttaattaggt aatattttcc tcatttcttt actgctgcca 600

```

55

60

65

```

ttttctcac cagtattcca gagatgggtca tagctcatta ctctaccacc aaggaactaa 660
aaggaattag aatacagcag aattggcctc agtgaagagc ttaaaattgt tctctctgt 720
gaactggact attgatcatt accacgtgac gttggctcta ttactttctg ttcccaatgt 780
ccttctagt gtttgaaaat gttaaaacat ccctaaaatc taaatcatat aatcagaatt 840
ctatagtgtc ccaactctatc tgtaaagatc atttgggaaga ctttagactc tattaatttt 900
aaaaggaata tttattagcc atatgcagaa tttctaataa tgatattgta cagcttctaa 960
ttcacttttc agatcagtggt ttgaaatggc aattatcagt gttggattta gttccaacta 1020
cttgatttac aaaaatgtac atttagagaa gggttaaaaga aacagtgaga aatgtaaacal 1080
ttcaaaatga taattgaatc tctcagttgt gggataaatt atcagagaca tgcaactgaal 1140
aatgtctcac. ctttcatcct ttttcttaa ttcataaagt tatcttgtag aatttgatgal 1200
gaccctccta gtcattctca actggggcgg tgcgtgtcac gaatgggtgt tgagagtgtt 1260
ggggctaggg cacatttttg gttgtcacag caactggggt ggcatttgct gccagtgcc 1320
aggaatagta acattatgaa tgccagggac agtgtgctca gtaaagtctt ccatacaaaa 1380
ggggcagggc acgggtgtc acgcctgtaa tcccagcact ttgggaggcc aagggtgggcg 1440
gatcacctga tgtcaggggt tcgagaccag cctggccaac atgggtgaaac cctgttgcta 1500
ctaaaaatac aaaaattggc tgggtgtggt gtcacatgcc agtaacccca gctactaggg 1560
aggctgaggc aggagaatca cttgaacccg ggaggcagag gttgcagtga gctgagattg 1620
caccactaca ctccagcctg gatgacagag tgagacttca tctcaaa 1667

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 249 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

cgtggtaggc acttcatcag tgtttactga ttgaaaacat tgttgactgt ggcttctatc 60
agagtgtcta ccttttacag ctctgacctt acctcattta atttgctgct tttaatctac 120
gggggctgag aatttgtgaa accagtgttg ttagaagtgt atataatctg aatcaataag 180
ctctgaatgg gggacaagaa acgctcttat agcacaagaa tgcattggact tcatgacagc 240
tcttttgggt
249

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

25

```

aatggaaggt taattaccgg ggcccacctt gagacggaaa aaaattggga aaacgaaact 60
aaaaatgggt ggggtgaatt tctacccaaa gtccagccgt ggtggctgca ctggcacaga 120
atactaaact gagtgtgact attttcaatg caacaaatga aaaaacaaaa tgtgcctgtt 180
taaagcactc agtagagggc tgaatgaaact aatttttttt ctttaagac atgcactctt 240
gagtcctaca gtaactgagt gtttgtttag acagcacaag aaggggtgag agtgcgtctc 300
ctagccttaa tgtgggaggg tagtttcagt cactcatcgg ctttcattat tgtgcagaaa 360
tattagaaaa cctcattgat caattttatg tatttgaata tcagcaaatt gaaattttcc 420
ataattatca ttaatttgta accacatcca gtgtcatgct tactccttag agttcagatg 480
aattcttaaa attaaaaaaa aactccatag tactaatttt gtttctttat atagtttgcg 540
tttgatatta gtgcttgcaa ttgtattaaa gtcaaaagct gatttttatg gcatacacaa 600
gaatgccact ttttctttta ttcatacca ataattttaa gattgatatg ctaaaaacaa 660
tttgcacagc actaaagcat gagctacttt catctaaacc tgtaaaaaata tgaaagattt 720
ttatatTTTT tcaactggga gaaattcttc ctggatgaaa ttacaaatat gtgtagaata 780
tatttaataa aagacttata aaatacctaa ctacaggact taaaatatag attggcgcgt 840
agtatataga acaatatccc atataaataa gtttagcctt tataaaaatg aagttgcagg 900
ctgacattac attctgtact tactaagtgt caacagccct tacaacattt aaatgtaaat 960
ggtttcaaat ggtcagcggt gtttaaatgt aatcatgtta ttttattcat tgttaatgct1020
ttgatgaaaa ggctttatat gcagtagatc tacgaaaata ttgttcatac tgatcagaat1080
taaatttgta tagagcagag ttttaaaatg aatgtaaata gcactaaaacg ttttctttct1140
gcaacctgta cttacagatt cttcctgtaa actaaataaa aaaaaaatga tagtgcaaaa1200
aaaaaaaaa aaaaaagag acggagagag gagaaagagg gcgtgg 1246

```

30

35

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 215 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

gggaagcatt ttgatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaagt tccaagagg 60
tgctgtatgt ttaagaaatg gagtttatgt aaataatagt taagcttggt cccatgttgg120
ccgggcaact tttttcaatg gtgcttatta gaagaagtgt tttcatctgg tcaatttaag180
gaaataaaac taggaaatgg agaggggggg agaga 215

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 734 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

gctgccgggg gcctggggct cggcgctcgg ccccggggga tgtggagagc tggcagcatg 60
tcggccgagc tgggagtcgg gtgcgcattg cggcggtgga acgagcgcg gcagcaggct120
gtggcgcggc ggccgcggga tctcccagcc atccagcccc ggctagtggc ggtcagcaaa180
accaaaccctg cagacatggt gatcgaggcc tatggacatg ggcagcgcac ttttggcgag240
aactacgttc aggaactgct agaaaaagca tcaaatccca aaattctgtc tttgtgtcct300
gagatcaaat ggcacttcat tggccaccta cagaacaaa atgtcaacaa attgatggct360
gtccccaatc tcttcatgct ggaaacagtg gattctgtga agttggcaga caaagtgaac420
agttcctggc agagaaaagg ttctcctgaa aggttaaagg ttatgggtcca gattaacacc480
agcggagaag agagtaaaca tggccttcca ccttcagaga ccatagccat cgtggagcac540
ataaacgcca agtgccttaa cctggagttt gtggggctga tgaccatagg aagctttggg600
catgatctta gtcaaggacc aaatccagac ttccagctgt tattgtcgt cccggaagag660
actgtggtaa aaagctgaac atccctgctg aacaggttga gctgatcatg ggcagtgccg720
tctgtaaact gcaa 734

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 314 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

30

```

gctgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgctggt cccacgtgaa gcagctgtcc 60
tggtgtggag gtacagagct agaccagcac tggccctcc agccccctgg tagcctctgc120
tgcaactgaa ctggcagctt ttgccgctgc ctttagctct gcatgtatgc gccctgaagg180
ttctgcctct ctgttttggg atcgcccttc cctcctcatg tttggggacc tgcaagggtg240
tgaggcacgt gagggcatcg ccatgcgtat tttacaggcc tctttctctg gactgtcttc300
aaagggatga cttt                                     314
  
```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1839 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

60

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

gcgggcgagg gcggagcaac agagcggccg ggagtaaggc ggagtgagag gaggagcttg 60
atggaagcgt gcgagaagg gcgtaactga tttggaaacc agaggaaagg cgctgttttc 120
accgaattag aatcgcgagg aaatagagaa gagtttgttt gaaggtctcg cgagatcgag 180
tgagtacggc tcgccaagtt ggagcgctct cgcgatagac acagcaacta ttcagctgcg 240
aggggacggg agaggtggtg agcactctcg cgagatttga aggagcggcg gaggccagag 300
ggaggagagg accggaagtc cttcatctca agcatccaat gctgaaacgg gcctgatttt 360
ctctaccgga agcccttttc cagaggtgtg gaacacggcc cactagcag gaagtccac 420
ctccttgagc tccgccaccc ttcccgaaat tttctgtca cctgtgttag gctccgtccc 480
ctttccgcgt tttatccccg taccagaaaa ggatacattt agtgccctcc acccagctcc 540
actaaacggc cttcccgctt cctgtggttg tggcgcgtgt gctgtgggga gcggccccga 600
cccgggggct cattcgagcg acctcggaac acaatgccag catggacttt gcagaccttc 660
cagctctgtt tggggctacc ttgagccagg agggcctcca ggggttcctt gtggaggctc 720
acccagacaa tgcctgcagc ccattggcc caccacccc agcccggtc aatgggtcag 780
tctttattgc gctgcttga agattcgact gcaactttga cctcaaggtc ctaaatgccc 840
agaaggctgg atatggtgcc gctgtagtag acaatgtgaa ttccaatgaa cttctgaaca 900
tggtgtggaa tagtgaggaa atccagcagc agatctggat cccgtctgta tttattgggg 960
agagaagctc cgagtacctg cgtgccctct ttgtctacga gaagggggct cgggtgcttc 1020
tggttccaga caataccttc cccttgggct attacpctcat ccctttcaca gggattgtgg 1080
gactgctggt tttggccatg ggagcagtaa tgatagctcg ttgtatccag caccggaac 1140
ggctccagcg gaatcgactt accaaagagc aactgaaaca gattcctaca catgactatc 1200
agaagggaga ccagtatgat gtctgtgcca tttgcctgga tgaatatgag gatggggaca 1260
agctgcgggt actccctctg gctcatgcct accacagccg ctgcgtggac ccctggctca 1320
ctcagacccg gaagacctgc cccatttgca agcagcctgt tcatcggggt cctggggacg 1380
aagaccaaga ggaagaaact caagggcaag aggaggtga tgaagggag ccaagggacc 1440
accctgectc agaaaggacc ccacttttgg gttctagccc cactcttccc acctcctt 1500
gttccttagc cccagctccc cttgtttttc ctgggccttc aacagatccc ccactgtccc 1560
ctccctcttc cctgtttatc ctggtctaat aacccccac acatacacct ctggtgacct 1620
atgtgcacag accgtcgtct tccctccagt cttctgaggg ataggggaca ttccatcccc 1680
agcttctccc ttaccacac ctatcctttt gaggggcttt ggggtggggc tggggcaagc 1740
agaggggactg ggtcttcaat tcttgggcta ataaaattgt ttctttgtgg actaaaaaaa 1800
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1839

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1931 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

cagccgcccgc ccattccctct ttgtgtgctt tggaagccg cggagctggt ggtggctaca 60
 gttggtgttg ggggcttagg cgagggacgt taccgggaag ttgcaggcgg gaggactctt 120
 ccccatccag tcacctgaca ggtcacaac atgtcagaca aaagtgaatt aaaggctgag 180
 ttggaacgta agaagcagcg actggcccaa atcagagagg aaaagaagag aaaagaagaa 240
 gaaaggaaaa aaaaagaaac agaccagaag aaggaagctg ttgctcctgt gcaagaagaa 300
 tcagatcttg aaaaaaaag gagagaagct gaagcattgc ttcaaagcat ggggctaact 360
 ccagaatccc ccattgtccc tctcctatg tctccatcct ccaaactctgt gagcactcca 420
 agtgaagctg gaagccaaga ctctggagat ggcgcgctgg gatctagacg aggacctatt 480
 aaacttgaa ttgctaaaat cacgcaagtc gactttcttc ctcgagaaat tgtcacgtat 540
 acaaaggaaa ctcagactcc agttatggct caacccaaag aagatgaaga ggaagatgat 600
 gatgtagtgg ctctaaacc acctattgaa cctgaagaag aaaaaacttt aaagaaagt 660
 gaggaatg atagtaaagc tccccctcat gagctgactg aagaagaaaa gcaacaaatc 720
 ttgactctg aggaattttt aagtttcttt gaccattcta caagaattgt agaaagagct 780
 ctttctgagc agattaacat cttctttgac tatagtggga gagatttggga agacaagaa 840
 ggagagattc aagcaggtgc taaactgtca ttaaactgac aattttttga cgaacgttgg 900
 tcaaagcatc ggggtggttag ttgtttggat tggatcatc agtatccgga gttactcgtg 960
 gcttctata acaacaatga agatgccct catgagcctg atggtgtggc ccttgtatgg 1020
 aatatgaaat acaaaaaaac taccacagag tatgtgttcc actgccagtc agctgtgatg 1080
 tctgccacat ttgcaaaatt tcatccaaat cttgttgttg gtggtacata ttcaggccaal 1140
 attgtctttt gggataaccg tagcaataaa agaactccag tgcaagaac tccactgtca 1200
 gcagctgcac acacacaccc tgtatatgtt gtaaatgttg ttggaacaca aaatgctcac 1260
 aatctgatta gcatctctac tgatggaaaa atttgttcat ggagtctgga catgctttcc 1320
 catccacagg atagcatgga gttggttcat aaacagtcaa aagcagtagc tgtgacatct 1380
 atgtccttcc ctgttgagga tgtcaacaac ttgttgttg ggagtgaaga aggttctgtg 1440
 tacacagcat gccgcatgg cagcaagct ggaatcagtg agatgttga ggggcatcaa 1500
 ggaccaatca ctggcatcca ttgtcatgca gctgttgagg cagtagactt ctcacatctt 1560
 tttgtcactt catcgtttga ctggacagta aagctttgga caactaagaa taacaagcct 1620
 ttgtattcat ttgaagataa tgcagactat gtttatgatg ttatgtggtc acctaccac 1680
 ccagccctgt ttgcctgtgt ggatggcatg gggagattgg atttgtggaa tctcaataat 1740
 gacacagagg taccaactgc cagcatttct gtggagggtg atcctgctct taatcgtgtg 1800
 agatggaccc attctggaag gggaggtggt tgtggcggga ttctgaagga caagttttgt 1860
 tattttgcga tgttgggagg agcagtttgt tgggtccccc aatgatggat tggcgacggt 1920
 tggcccgacc c 1931

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 294 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

agttaccatt gccttttctg tctcgtgccg gttttggttt gctgaaacta gtccaaaaca 60
ggaaatttaa cagacagcca cagccaaaga gtgtcatgtg aattacaaga aatagagccc120
atthagggaa agatagaact agaaaggctt ttcattataa ttccatgttg aacaattgag180
tcatagcttc ttatcttggg ggaaggacac aattcaaagg ggcagtaagg attttgtaaa240
acgtggcatc cataatttac tatggagcaa gtgccacat ctctaggaca ttaa      294

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

tttttttttc tcattaacaa agcagtcaat tccctttatt tttaaaattt tatgtacaca 60
tatgaatgat ctgtataatg tacattcaat atagaaagct ttatatattt gatagtgtat120
agaacatttc acaattacac tcatctttta cataacatct tgacatccat ttttaaattt180
ttttgcacaa gctccttttc attcaatttg gtaaagccag ttatacatat taatgtgtac240
tgtgagcttt cagaagggtta atgattgagg atgccagtga aggggtgcagg gacaaaacct300
aatagtcttg gatggtgggg ggaggatggc cagcgagact tgatgcagga gagggaaata360
ttctttcctg gggaaaagtg acttagccca atttttgttg actgtagctc aaccctacag420
tcatgctagt tcaaaaaaaaa aattacaaaa actaggaaga aagttttgtc tttttgattc480
acagttttgt aaacagatat aaaggaacaa atgtgcttac atacaccaag aaaaaaaaaa540
ttcttgtgta ccactttatg ttgatccaca gagtgctttc ttataatgtg atacaattag600
gatcactgac tttttttcct aaaaatatat ttatagaaaa aggaataaca ctgtcatgaa660
accaggagaa aggcagtaag agtttgcttc aacgtatcag ctggaggaat gtggacttgg720
cactggcctt tcagcgttta ttgtctctcg tgaatatttc aagtctgata gccagggtcg780
cctgcctcat ggtctacagg aggtggcagg ttagacatga ctgatgtaga tgtactgcgg840
taaggtagcc agcaactcca ggtcctgctt cagagagcta ca      882

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 179 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

30

ctttttccca gtttatgga aagcaaatat acaatgattt taagtaggct tctggaatag 60
aaacag:ggg ttgaagacc cactgccacc ttgatggact ggccctttg agtctgaatc120
cccggcggt gtgacctgg acccaaccgg tagctgggcc aactccagt aattcacc 179

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

- (A) LÄNGE: 238 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

60

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

65

DE 198 18 620 A 1

gggaagcatt ttggatatga tgcaggaaat gtgttacggg ggtcaaaagt tcccaagagg 60
tctgtatatt ttaagaaatg gaatttattt aaataatatt taaagcttgt gcccatgttg120
ggcgggcaac ttttttcaat ggtgcttatt aggagaagtt ttttcatctt gtcattttaag180
5 gaaataaaaag tggaattga atatgggtgg catgttgtac ccgttttagtc tcttatgt 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 934 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

ctcgcgccgg acacagggag cagcgagcac gcgtttcccg caaccggata ccatcggaca 60
ggattttctcc gcctcagccc aacggggagg gctagttgca catagtgatt tagatgaaag120
40 agctattgaa gctttaaaag aattcaatga agacgggtgca ttggcagttc ttcaacagtt180
taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcagtaa240
gacttacagg cagagagaaa aacaaggagc caaagtagca gattctagta aaggaccaga300
tgaggcaaaa attaaggcac tcttggaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg360
acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt420
45 tggcactgag atatttgtgg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aacttgttcc480
attattttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg540
tctcaataga gggtatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt600
taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcattctcagt660
tgccaacaat aggttttttg tgggctctat tcttaagagt aaaaccaagg aacagattct720
50 tgaagaattt agcaaagtaa cagagggtct tacagacgtc attttataacc accaaccgga780
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc840
ccaggcaagg cgtagggttaa ttgagtggta aagtcagggt ctggggggaa tgttggaact900
gtttgaattg ggggtgttcc gcttaggaag gtcc 934

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```
ctcgtgccgg tcaattatga gttcctttat ttattggtga gaaagattag caagtatgac 60
gtatgcaagg aatagaagtt atgtaccgag tggtaaagg ttggggggat atggagatgg120
atgagagggg gctgtctggg aaggctttgc ttcacttggg ttagagtagg gttgcgtgag180
gaaaaggtg tgtagaatga gaatgagggt catgacagcc tcctacaaa c 231
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 669 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```
aggaattcgt taaatgcctg aagaagccct tcggggaatc ccaaaccocct gaacatttgg 60
aatgagcccc cagatagcaa tatccgaatg caaagcctac tggccttcca ccagagacaa120
cccatttatg atttgcctgt tcctgtaaga gtcgcatc ctttcctatc aactgcctga180
tatcatcttc aggaagcaag tcccataaca tgacatatct ggattttgtg ccttagaacc240
ttaaattgga agcattctta attatgcacg taaatttaaa agaagataat ttcaaaacag300
```

60

65

DE 198 18 620 A 1

```

tgctttcttt cccttggttt catcattttc atatcttaaa ccaattacc tccgtatctg360
acaacagcat catctacctc agtcattagg atctcttaat aaaaaagaga ttgtatfttt420
gacttggtta ttaagattat taaaattagc ccttcctttg aaatatgaca tcagctttgc480
5  tgttctaaat ttaaaattag ttgcttcac agtaccacac ttccagtttc tataccaagc540
cagtctcctc agttttccca ttagaatgga caggttctgt tcagcgtgtc atttctgtaa600
tgcttcacgc agagagtttg gtcatagtat taaagagaaa atacagtgtg gtcacaatgt660
ctccagagc                                     669

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 240 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

cgatcacgtt ttcacatgat gtcacgctc agggcgcttc aattatccct cccacaaaag 60
ataggtggcg cgtgtttcag ggtctctcgt ctctctccta cagaaaagaa aaagaaaaaa120
atgtcattag aagaggcgta acacgtcagt ccgtccccag gtttggtgtt cctggagtgg180
45  ccgaaagaga tcagttctaa cctgctctgc aggaataacg gtcctgcctc ccgacactct240

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 228 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

10

agagcagatc agaggcaggg ggaaaagcac gcagagggag gagctgaaga gctgagaccc 60
 ggagccaggg acagcttaat gaagacaaac tgaaggggaa actgagatgc ttagaaagcc120
 cagctataca actctaccca gaaatacttc ccttagggaa tgtaaaaagt actactggag180
 atggaagagc agaaaaacag ctatgggcag aaggccaagg ggtgatag 228

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1229 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

aaaaaaaaa aaaaaagagt taatctagga gataatgaat ggccctagtag tagataatat 60
 atggccccac aagctcttga cttctgtcct tggggaaaagc catTTTgtta accacactag 120
 tgagatttac atgatgctta atggagaaca gagaagatct tgttgcaaaa ggtgtattaa 180
 atatttgtgc tgtttctgta tgagattgag aagcttttcc cacctctcac ccctatttcc 240
 tataaggata tccagagaag ccaaactggt ctgtgggttt gggaatggtc atttcccggg 300
 aaaatgcac tggatcgatg actaaacctg gcccttttct ctgggctgta gtgaagccgc 360
 attttcacgc tggctggcag tgtgctgaga gcctcgaatg ctctgcggcg tagtgccctt 420
 ctgccctgcc tgacgatgta tcgaaaagat gagagtgaag gagactttgt gcagcaggaa 480
 acgggtaggt gaggtgttgg gcagttgtgg gaacttctga gagtattaca gagtggtaga 540
 atcggtaaga actctgattt ggacttcgct ttggtggaac tgtgtgccta tacctgcctg 600
 tgtgtgtgca agtgtgcagg ttcccttgta tgtatgtgta cgtgtgggaa cctgtgtttg 660
 tcatattttt cttcatTTca caaaggcttt ttttgaagca gtggcagtat gcctttgttt 720
 caagaacaca tgaaattctt ttaacaccag attagtgtgt taccctaaat gaacggttct 780
 agccctctat taagaaataa agggaccata agcatttttg ctgcttatgg ctgtgtgtta 840
 ctacttaca gagtcttgaa aattatacag aactttgcct tcttttttta atgtcttcca 900
 caatgttgtg actgattata accctgtttc ccctcagaga agagctatgg ctcaggatc 960

50

55

60

65

DE 198 18 620 A 1

```
tgtgttgact ctggcattta gtggcctttgt gaaggaaaga aaccattaaa tgacctgaca1020
aaaactgact catgtcttta aagtagttga agcactttt aggaatgta ctctcggtty1080
cttttgtcta attctaattg gctttaaagcc aagaaaacca tagtataaat cttttttgtg1140
taccctatgg ctagtgtttt aaatgggcag ttccgttggt gataaagtat ccagtcactt1200
caggtttccg tggaaggttt ttattgggg                                     1229
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 750 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```
gtgagggaca gatggacaga atgcagaggt acatagatga gctgaggctg atccagctcc 60
cctgaaattc agagtgttaa cttttagtag cctgcacaat ctcttggtgc tatctagcca120
ttaccccat ttttttttta aaggccatct gaaattccat ttgtcatggt gggaagcatt180
ttggatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaagt tcccaagagg tcctgtattt240
ttaagaaatg gaatttatll aaataatatt taagcttgtg cccatgttgg ccgggcaact300
tttttcaatg gtgcttatta gaagaagttt ttcatcttg tcattttaag aaaataaaac360
tggaatttga atatgggtgg catgattgta cccttttagt tctcttattt ttctactcct420
ctgtccctct ataactatgc catactatta gatgctggtc cactgaatgc tgagatgatc480
tgttttttgg ggtttttttt tttaagaaa tattttctact ggttttctgt gactctctaa540
acacttcac gaaactagga agactgaatt atgagggaaa ctatttgga ttagtggcca600
gaaacgatga aatcttatag atcttttgac agtttctctg ttttagggga gcctaggact660
gatatccaag tttcttccat atccaagctt cattggggga ccccatctt gctttaacag720
gtgacccggc cctctttacc gggcttccag                                     750
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```
gaggccggga gtggaacccc ctctttttag aaggttgcc t gactcagaga cacagaaacg 60
gggtccaggga tggggagaga tgtggagtga gggaaggttt gcatttgaga aaggaagttc120
gagaacacac tgggacattg taacacattt gaaccatctt ctgatagaaa ggtgttgcc180
tcctaataat gggaggtcag ggccagggtcc tcgggcatag ggagagggtc c 231
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
tttggcatca ttacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60
ggatatttggg attctaattg ttaaccccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatttaa 120
aaccatttta gccttttact tatactctggg agaattccag tgatcatcct aataagggtat 180
atttcagaat aatttttttt tcttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtcc 240
taggagcagt gtgaaatttc cgttaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300
aaccaagagg ccatttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttgcta agtccctaag 360
agattacatg ctagggttg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
```

DE 198 18 620 A 1

```

cttcaactat ccacataaagc taggctttcc gcttttgcga cggacagtgt gaccaagata 480
tttccagagt aaataaccca ccacaacctt ggtaattcc cttctcttct taugctccag 540
gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgccctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
5 aaaacaggca gctagcactg ggaaagccca tgtggtgacc ccatattttt ctgaggttct 660
tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aagtaaattc agaaaacagg tcttgccctt 720
agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780
gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840
cctccctgcc acccateaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtcactc 900
10 ctgcagtctg ctagggatgg gccttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960
ttgccttcac agagtccctc ttgacacccc tgacttaatg atagttgctg ttttgagtal1020
gaattgatca ggtttaagtc atcctgctca ggttgggcat agtggtcat gcctgtaatc1080
tcagcacttt gggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagttc caaaccatcc1140
tgggcaacag agggagaccg tgtctctacc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttaaaal1200
15 aaacaattag ctggacctgg tgggtgcacac tcagtaggct gaggtgaaag gattcctttal1260
acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagagal1320
aaaagtggaa ccctatcaca                                     1340

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 226 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52

```

gccagatttc cgggggttttg cgggccccgc gatgttttcc agaggttttc aagtgggaag 60
aggagagcga caaggtgaaa atgccccgtg ccggggcgctc cagcggagtc ctgccagctg120
tccggcggtg ggggtggacgt ctgatttatg aagggtgccca tccacctatc tgagtacctg180
acttgtgagg actgacaact acagcatcag gtacaaagtt gttctt 226

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 611 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```
gcagctgcag cggcagcagc ggcagcagag gcagcagcag tagccaccac tccgccgagg 60
ccgcaacccc ggctcggcct ccccaggccc cgccgctgcc gcagtcattg ctgctgatgg120
ggtggacgaa cgctcgctc tgctgtcagc atcccactcc ggaaatgtca ctcccaccgc180
cccaccgtac ttgcaagaaa gcagcccccag agcggagtgcc cacctccata tacagccatt240
gccagtcagg acgccagtgg tattccagta ataaactgcc gtgtgtgcca atcactaatc300
aatttgatg gcaagcttca ccagcatgtg gtttaagtga cagtttgcaa tgaagctacg360
ccaatcaaaa acccccacac aggcaagaaa tatgttagat gcccttgtaa ttgtcttctc420
atgtgtaagg acacatctcg gcgaatagga tgcccaagac ccaactgtag acggataatt480
aaccttgccc cagtaatgct ttttctgaa ggaacaacca gctcagcctg cattgcccaa540
tcccaaccag aagggtacaa gggctcgtgtg ttggggcacg gttggggaac acattccctt600
tgggatggga c 611
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```
gccgaccgga cgcagggggc tggcggggaac gtgaagctcc gcggtgcctg atggggccgt 60
```

```

tgggcggccg gtagctgttg ctgttggggg acccctcat tcccgccgt gccgtccctg120
ctgcctcatg ggggccatcg gaggcacct gggctgcacg ccagctgtg tggccgteta180
taaggatggc cgggctggtg tggttgcaaa tgatgccggt gaccgagtta ctccagctgt240
5 tgttgcttac tcagaaaatg aagagattgt tggattggca gcaaaacaaa gtagaataag300
aaatatttca aatacagtaa tgaaaagtaa gcagatcctg ggcagaagct ccagtgatcc360
acaagctcag aaatacatcg cggaaagtaa atgtttagtc attgaaaaaa atgggaaatt420
acgatatgaa atagatactg gagaagaaac aaaatttgtt aaccacagaag atgttgccag480
actgatattt agtaaaatga aagaaacggc acattctgta ttgggctcag atgcaaata540
10 ttagattatt actgtcccgt ttgatttttg agaaaagcaa aaaaatgctc ttggagaagc600
agctagagct gctggattta atgttttgcg attaattcac gaaccgtctg cagctcttct660
tgcttatgga gttggacaag actccccta 689

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 560 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

agaaaatgga cgctgacatc aatgtcaca aagcggatgt tgaaaaggcc cgacaacaag 60
ctcaaatacg tcaccaaata gcagaggaca gcaaaagcaga ttactcatcc attctccaga120
aattcaacca tgagcagcat gaatattacc atactcacat cccaacatc ttccagaaaa180
tacaagagag cggaggaaaag gaggattgtg agaatgggag agtccatgaa gacatatgca240
gaggttgatc ggcaggtgat cccaatcatt ggggaagtgc tggatggaat agtaaaagca300
gccgaatcaa ttgatcagaa aaatgattca cagctggtaa tagaagctta taaatcaggg360
tttgagcctc ctggagacat tgaatttgag gattacactc agccaatgaa gcgcactgtg420
tcagataaca gcctttcaaa ttccagagga gaaggcaaac cagacctcaa atttggtggc480
55 aaatccaaaag gaaagttatg gccgttcac aaaaaaata agcttatgtc ccttttaacg540
gggggcccac tcagcttcag 560

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 851 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```
gaagaagagt aagaaggaca agaaggccaa agctggtctg gagagcgggg ccgagcctgg 60
agatggggac agtgatacca ccagcaaaaag aggtagaatt ggtttctgag tagtgaaggc120
cacttgaagc tggaggagaa actaaagcct tattgagaaa acatgttata gatccttttg180
ttgctgagag agtggaacat aggtcctaga cagggtgaaag agttctggca catttttagct240
gctactttga gacctcggtg atgttacctg gtgtggtcat cccatcttgt cctgttttaa300
ggatatgggt ggtgaaagat gaaagaggca gagtttatcc caatgacttc tctgtttgag360
ttgggaagcc tcaccttcag acccagtaac tgtccgcagc tgtctgctag tggttgtctt420
aacatcgtag tcctagtttg cattttttta atccctctg tttaaaaggt ttgtaaaaca480
aaaacaaaaa actaagtctg ctcaagtgaat tgctgtagaa ccctaaataa gtggtagaag540
agtgtcactg aattttgtct ctgaattcag tataactgag ttttgtccat gctggtgtct600
gggttatagg cctgatgggc ctggtagttt tccatcttgt tctggcctag aggtcagtc660
tttgcacttc ctcaaagctt gtgtacagtg ctcacctaaa tccatctgac tacttgttcc720
tgtgccctct tgtttttaggc ctggtttact tttaaaaaat gaaattgttc attgctggga780
gaagaatggt gtaattttta ctatttaaag tcaacttggt aagtttttaa aaaaaaaaaa840
aaaaaaaaa a                                     851
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1354 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57

```

5      cttaccaaca gcctttctgc taagtctctgt tttttggata tttatgactt ggttcacatt 60
10     attttttctt gatcttagcag gagccctttt ctatttcagt ttcattttca gcatagtagc 120
      cttttctatac tttttctata agacttgggc aactgatcca ggcttcacta aggttctga 180
      agaagaaaag aaagtgaata tcatcaccct tgcagaaact ggctctctgg acttcagaac 240
      attttgtaca tcatgtctta taaggaagcc attaaggtca ctccactgcc atgtatgcaa 300
      ctgctgtgtg gctcgatatg atcaacactg cctgtggact ggacggtgca taggttttgg 360
15     caacctcac tattacatat tcttcttgtt tttcctttcc atggtatgtg gctggattat 420
      atatggatct ttcatttatt tgtccagtca ttgtgccaca acattcaaag aagatggatt 480
      atggacttac ctcaatcaga ttgtggcctg ttccccttgg gttttatata tcttgatgct 540
      agcaacttcc cattttctcat ggtcaacatt tttattatta aatcaactct ttcagattgc 600
      ctttctgggc ctgacctccc atgagagaat cagcctgcag aagcagagca agcatatgaa 660
20     acagacgttg tccctcagga agacaccata caatcttggg ttcattgcaga acctggcaga 720
      tttctttcag tgtggtctgt ttggccttgg gaagccctgt gtggtagatt ggacatcaca 780
      gtacaccatg gtctttcacc cagccaggga gaaggttctt cgctcagtat gaagaaaagc 840
      aacccaaaac tctcaatctg atttgttttt gtttatgtcg atgccctgta gtttgaaagt 900
      gaagtaaaaga tttagaattc acctaaagtc aaaggaaaac acgtgggttt taaagccatt 960
25     aggtaaaaaa agttctcaat aaaggcatta caatttttta ggtttagaaa gatggacttt1020
      tctgataaat cttggcagac atctaaaaaa aaaaccatat ttttcacaag aaaatgcaag1080
      ttactttttt tggaaataat actcactgat tatggataaa atggaatatt ttcagatact1140
      atattggctg tttcaaaata gtactattct ttaaacttgt aatttttgct aagttatttg1200
      tctttgttgt atctataaat atgtaaaaaa tatttaataa gatgtacctg ttttgctttc1260
30     acacttaata aaaaattttt ttttgtaaaa ggaaaaaaa aagaagagga aaaagaagag1320
      aaaggagagg ggaagaaaga ggagaaggca agga                                     1354

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 268 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

65     cgtgatctct cctcagtaaa accaaggtgc atttttctgg acccacctat cttgggggtg 60
      attaggagta gagggttgta aatacttaaa atttttttcc tttctgatat aattattgat120
      ctcttcttag aagtcctgtc gtctttfctg gagaattttt atttaagcat ccttttgtag180
      aagaatctct aatgtccttt tttcatccag atctacactt gatgaatcct aaagctattt240
      ctacacagtt cctttattca gttttccc                                     268

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 752 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

tgacaaaaga aatggaataa tttcaaaaaa gttaagtcct gagaagacaa ccctgaaatc 60
tattttgaaa agaaaaggca ccagtgatat cagtgatgaa tctgatgaca ttgaaatttc120
ttccaagtca agagtaagaa agagagctag ttcattgagg tttaagagaa taaaagaaac180
caaaaaagaa cttcacaatt ctccaaaac aatgaacaaa acaaaccaag tgtatgcagc240
aaatgaggat cataactctc agtttattga tgattattca tcctcagatg agagttttatc300
cgtcagccac ttcagtttct ctaaacagag ccacagacca agaactataa gagacagaac360
tagtttttct tcaaaattgc ctagccataa taagaaaaat agcactttta ttccaagaaa420
accaatgaaa tgttcaaatg aggaaagtgt ttaatcaaga gcagtcgtat gaatcaatgg480
ataaattttt agatggcggt caggaagtgg cttatattca ctcaaaccag aatgtaattg540
gatcgagcaa agctgaaaat cacatgagcc gatgggcagc acatgacgta tttgagttga600
agcagttttc acagctgaca gctaacatag ctgtttgcag^tttctaagaca tataaagaaa660
aagtggatgc agatacattg ccacacacaa agaaaggcca gcaaccgagt gaaggcagca720
tttcacttcc tctttacatt tcaaatcctg ta 752

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1389 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

gaactccaag ttagtggatt gcagaatgga aacttggctt ttgcggcact gggtagtgg 60
tagtttgtgt gtgtcttgct ggggggtggg gatgattgtc tcagcactca cgcactgcac 120
aagaaggcag caggatacag cactgcacaa gatggcagct cctctgcagc ttccctcctca 180
gcctccctcc ttgcaccccc acagggttgg cttgtgggtt ttgtcatcag taacctactg 240
cctgagatca tgatctctta aaagatgaga ctctcggaag ggttgattgt atgcgtcagt 300
gagccttcta tcaccttctg gaacaaagtc acttgaaatc tcttgatgag attaaggagt 360
ttagtqttac taagaaaatc tgctttgggc cgcagcagtg ctgggtgttc tcagacctga 420
ctgaggaagt tagctgcggg ctgccctgtg ggctgggtgt tcaggaggaa tccagagaag 480
tgttcagatg ccccccttgg gctcctttct aattttaatc agctctttaa atagctgccc 540
atctcctgtg attgcacaac caagcacttt gacatttgca ccttaggaga ggcagatgtt 600
aaaatggaat ccaaagacca cctaggggcg ggctgggtgg gagatgggag ggccaactgc 660
gagctgctcc acttctcagc tctccctgc cctgcagccc tgggccagac aaggccagaa 720
ggtttcaggg gcatttgaca tcccctcctg gttctcacca ggaaaacatc caaagctttg 780
gaggaacag gccctgcccc tggctcctta aatgccccgt ctctttgtaa actgatattc 840
agccagcaat gcttaagact ttgttaagat catttctact gcttttcttt ctgcttcaaa 900
cacacagttc qtctctgagg aaagtaaaat aaatggaata agagtaaatt gggtaaggag 960
atatccaaag ctaccagtc ccttgaccca gcacagttgg ccgaccctgt tcaactccctg 1020
gctgtcctg cttctctgtg ctactgaag ggtgagccag gccagtgttt cccagcccc 1080
tgggcctggg cactacacag tggaaaacag acaagcggcc ccttcccaa atcccaagag 1140
tgtcttgctg cttgggtggg gctcatcgca atgttctgaa ggctccaggg ccactttgtt 1200
tgtaagtatg atctgggcct caaaatacca tagtagctgc ttgataaaat tctaaaaata 1260
tctgggttct tattatgtaa acactattac agtcaccagt gtgtgaagac tcttgagtct 1320
ggctctcata tcagagtcac catttttctt cctgtggaat aaaatgcctt gtggacttcc 1380
caaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 726 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```
cgatatctgtc cggacggaag caggaagcgg gagcgtagg gccacgcctg cggcgctgct 60
ggttgaggct gtgtgggtgg gggacggggc gaggcgatgg cggagaagt tgaccacctal20
gaggagcacc tggagaagt cgtggagaac attcggcagc tcggcatcat cgtcagtgacl80
ttccagccca gcagccaggc cgggctcaac caaaagctga attttattgt taactggcta240
caggatattg acaagtgcag acagcagctt catgatatta ctgtaccgtt agaagttttt300
gaatatatag atcaaggctg aaatccccag ctctacacca aagagtgcct ggagagggt360
ctagctaaaa atgagcaagt taaaggcaag atcgacacca tgaagaaatt taaaagcctg420
ttgattcaag aactttctaa agtatttccg gaagacatgg ctaagtatcg aagcatccgg480
ggggaggatc acccgccctt ttaaccagct caccctccct gtgtgaagat cccctgggac540
tgcgatgcgg cgtgaggctg ggactgcgag tgctgacgcc accttctgc tgagggtggga600
ctgggccctg gacacacccc tcagccccctc tgtcctcatt gtttggcctc atgggaccga660
ggggctggag gagaggcgga gtgtgcccga ggggtcaaga ggtgttttg ggtgaaatgg720
gtttgt
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```
ggctgagaaa aatgggggga gacataaac ccacgaatga aaatacagat ttaagagaag 60
gaaccagtaa agtaggagac agatgtgaag gaaatggaaa tgaggcaaga ggacattgga120
agagagaagt ttgctgtcca ggagccaggt ctggagcatc agtgtgagg agttcaggta180
ggctgggctt gtgcttctag gtagggacaa gggaggctgg gtagccaggg ctggtgctta240
aaacccctga ggccatgagc tcattggctg cctttgtagc atcctgtctt cttctgtgct300
gcctgggttg atctcatctc acctggattc aaagggttaag gtgggcatgg gtcttgggct360
tgacacccac caaggatgac ctgtggactg ccatcgatg ctgaacagg agatgaaagg420
aggtcctctt accatacccc tctgccaacc ccccagtagg cactgttct gactttgttt480
ccagaatatc cagaaatcca aaggggctgt tgctgaacag tctgcaggac cagtgcagc540
acctacctgt tgtcccaagg catacaaagg agccccaac gctcatgctt ctctaattca600
gccctaccaa gacagacaga aaagggaagg gtagaaggag agcttgagc tjtggagtta660
gactctgctt cattcctgaa g
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1116 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

gggccacact gagcagattc tttggtagaa ttttcaactt gagactaaca caagtatttc 60
cttttctgtt cagttctcca aatgacaaga agtctttttg ctcaattgaa ggggaatgga 120
atggtgtgat gtatgcaaaa tatgcaacag gggaaaatac agtctttgta gataccaaga 180
agttgcctat aatcaagaag aaagtgagga agttggaaga tcagaacgag tatgaatccc 240
gcagcctttg gaaggatgtc actttcaact taaaaatcag agacattgat gcagcaactg 300
aagcaaagca caggcttgaa gaaagacaaa gagcagaagc ccgagaaagg aaggagaagg 360
aaattcagtg ggagacaagg ttatttcatg aagatggaga atgctgggtt tatgatgaac 420
cattactgaa acgtcttggg gctgccaagc attaggttgg aagatgcaaa gtttatacct 480
gatgatcagg gcagtaggca taattcagca acaaacaatc ttcctttggg agaaacctgt 540
tcattccaat cttctaatta cagtggttcc tatctcaggg atactggact ttctgacgca 600
gatgaacaat taaggggaaa agcttccctt ttccctctgt ggcagttacg attttgactt 660
cagtcctgag aaaaacttca ggttttgaaa atcagatgat gtcttctcct tttccaaaca 720
ccacacgttg aaagcattta taaatccaag tctgaaactc tgcgctctag tactgctgtt 780
aagatacaca acttggtttct tagttcatat aatctcgggg acacacatac gtatacacac 840
acatacatat atataaatat acctgatgcc agattttttt cataaatatt ctgcctactg 900
taaatatggg ttctctctgag ttgttttaga aaattagcgc aatgtattaa aatcaagtgt 960
taggaaattt catggtctta cctacaataa cttttatttt ggaattgaac tattattaaa1020
ttgtatctaa tcctggaata cagttaatt aattattctt agtgcttaag gcttcataaa1080
gtaatttttc caaccttttt tttaaaaaaa aaaaaa 1116

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 226 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```
aacagttggg aggttcttag ctcttttttag ggtcttaaca aagggttttg ttttagtttt 60
agaccgaggt ctataacttt ttctgtgaca ggcaaggtag taaataggta agggtttgca120
ggccagacca tctctggtgt gatgactgca ctctaccgtt gtaaaaggaa agcagccatal80
ggccaatatg taaacaaatg agcaagggtg tgtgccggtg aaactt 226
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 806 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```
tccaagggtc ctttagtcct tcctaagccc cacagtactt tcccgtagtc ctgaggcttg 60
ggacctcctg gggttcttac cttccctccc cattgctgag acagtctgag aagaggctta120
ggaatttgct tgtgggagtt tattcatctg tctctcctat ttacctctcc caaaccagga180
tttccacttc tcaaacctgc tgtgatctca caactggagg gaggaagtga gctggggggc240
```

DE 198 18 620 A 1

```

tcattctccac tggctgcagg aacaggcctc cagggctccc agactgatat tcagactgac300
aatgatttga caaaggaaat gtatgaagga aaagagaatg tatcatttga acttcaaaga360
gacttttccc aggaacacaga cttttcagaa gcctctcttc tagagaaaca acaggaagtc420
cactcagcag gaaatataaa gaaggagaag agcaacacca ttgatggaac agtgaaagat480
gagacaagcc ccgtggagga gtgttttttt agtcaaagtt caaactcata tcagtgtcat540
accatcactg gagagcagcc ctctgggtgt acaggattgg ggaaatccat cagctttgat600
acaaaactcg tgaagcatga aataattaat tctgaggaaa gacctttcaa atgtgaagaa660
ttagtagagc cttttaggtg tgactctcaa cttattcaac catcaagaga acaacactga720
ggaaaagcct tatcagtgtt cggagtgtgg caaagctttc agcattaatg agaaattaat780
ttggcatcag agacttcaca gtgggg                                     806

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 241 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

gggtggaattt ttttgggccc agtatttggg gggatgatagg ggtagagggt tgtaaataact 60
taaaattttt ttcttttctg gtataattat tgatctcctt ctagaagtcc tgcgtctttt120
gctggagaat ttttatttaa gcatccgttt gtagaagaat ctctaattgc cgtttttcat180
ccagatctac aattgatgaa tcctaaaggt atttctacaa agttccgtta ttcagttttc240
c                                                                 241

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 266 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

gcggatccgg cgttctgcac tgatcttttc caaggggtgta cagagatggc ggccgggtttt 60
cggaaggcgg gtaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagccagtg actaccgtaa120
aaaacaaggc acctcaaagg tggtcgggag aaggggtgtg aaaaaaatcc agtgagttct180
actacaaaat gactcgggtt aaactccagg gtgggggtaca aattat 226

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 151 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

ggtgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccggtggt cccacgtgaa gcagctgtcc 60
tggtgtggag gtacagaggt agaccagcac tggcccttc agccccctgg tagcctgtgg120
tgcaactgaa ctggcaggtg ttgccggtgc t 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

gcagccgctcg ccttcggagc gaaggggtacc agcccggcag aagctcggag ctctcgggggt 60
atcgaggagg caggcccgcg ggcgcacggg cgagcgggcc gggagccgga gcggcggagg 120
agccggcagc agcggcgcgg cgggctccag gcgagcggt cgacgctcct gaaaacttgc 180
gcgcgcgctc gcgccaactgc gcccgagcg atgaagatgg tcgcgccttg gacgcggttc 240
tactccaaca gctgctgctt gtgctgccat gtccgcaccg gcaccatcct gctcggcgctc 300
tggtatctga tcatcaatgc tgtggtactg ttgattttat tgagtgcctt ggctgatccg 360
gatcagtata acttttcaag ttctgaactg ggaggtgact ttgagttcat ggatgatgcc 420
aacatgtgca ttgccattgc gattttctctt ctcatgatcc tgatatgtgc tatggctact 480
tacggagcgt acaagcaacg cgcagctgga tcatccatt cttctgttac cagatctttg 540
actttgccct gaacatgttg gttgcaatca ctgtgcttat ttatccaaac tccattcagg 600
aatacatacg gcaactgcct cctaattttc cctacagaga tgatgtcatg tcagtgaatc 660
ctacctgttt ggtccttatt attcttctgt ttattagcat tatcttgact ttttaagggtt 720
acttgattag ctgtgttttg aactgctacc gatacatcaa tggtaggaac tcctctgatg 780
tcctggttta tgttaccagc aatgacacta cgggtgctgt acccccgat gatgatgcca 840
ctgtgaatgg tgctgccag gagccaccgc caccttacgt gtctgcctaa gccttcaagt 900
gggcggagtg agggcagcag cttgactttg cagacatctg agcaatagtt ctgttatttc 960
acttttgcca tgagcctctc tgagcttggt ttgtgctgaa atgctacttt ttaaaattta1020
gatgttagat tgaaaactgt agttttcaac atatgctttg ctagaacact gtgatagatt1080
aactgtagaa ttcttcctgt acgattgggg atataacggg cttcactaac cttccctagg1140
caatgaaact tccccaaat ctgatggacc tagaagtctg cttttgtacc tgctggggcc1200
cagggttggg catttttctc tctgttcctt ctcttttgaa aatgtaaaat aaaacccaaa1260
atagacaact ttttcttcag ccattccagc atagagaaca aaaccttatg gaaacaggaal320
tgtcaattgt gtaatcattg ttctaattag gtaaatagaa gtccttatgt atgtgttaca1380
agaatttccc ccacaacatc ctttatgact gaagttcaat gacagtttgt gtttggtggt1440
aaaggatttt ctccatggcc tgaattaaga ccattagaaa gcaccaggcc gtgggagcag1500
tgaccatctg ctgactgttc ttgtggatct tgtgtccagg gacatggggg gacatgcctc1560
gtatgtgta gaggggtgaa tggatgtgtt tggcgctgca tgggatctgg tgcccctctt1620
ctcctggatt cacatcccca ccagggccc gcttttacta agtgttctgc cctagattgg1680
ttcaaggagg tcatccaact gactttatca agtggaattg ggatatatt gatatacttc1740
tgccctaaca catggaaaag ggttttcttt tccctgcaag ctacatccta ctgctttgaa1800
cttccaagta tgtctagtca ctttttaaaa tgtaaacatt ttcagaaaaa tgaggattgc1860
cttccttgta tgcgcttttt accttgacta cctgaattgc aagggatttt tatatattca1920
tatgtttaca agtcagcaac tctcctgttg gttcattatt gaatgtgctg taaattaagt1980
cgtttgcaat taaaacaagg tttgccaca tccaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaatggtgg2040
cg
2042

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 147 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70
- ```
ggaaagggga tccaggacat gaggggaccc tgtcccatgg ggtcccctgc tctgcaacac 60
acaggtagtc ccagtgcctag cattggtcta ggtaaggggc aactgtgcct ttgtgcagtg120
gtgtgatctc gggtcattgg ggctccg 147
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 143 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71
- ```
ggaaagggga tccaggggat gaggggaccc tgtgccatgg ggtcccctgc tgttcaacaa 60
aaaggtagtc ccagtgcctag cattggtcta ggtaaggggc aactgtgcct ttgtgcaatt120
gtgtgatctg gggtcattgg ggc 143
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

agcagagtta gccagaaatg cctcctgctg ccccagcctt agagagctcc catctcaatc 60
attgagcctg aaggcttcaa gcccaagaat gcaacaagac ccccagccta catctctcag 120
ctccccctgga gccagctgat cctgtaacgc tgctggagggt cagtctgagc taccaagact 180
gtcccttagac aaaggtggag tccccacac tgcccaagac caaatccctc actcaacctg 240
ctgaggtgtg gatggggaaa cagaggcaaa actgaggcac ctgatgcatt cagcctgctg 300
tgcagcagtg ccattgactg ccctgatgtt cagagagaaa cgcacacaag gtttgcccat 360
gagaattggg gagcagatgg ccaagcagat aggttatgtc tgttttctga gtgatgaagt 420
caggaagccc tgtggctctg gaggccactt gtggttcatt cttttcccat atccttggct 480
tttagaaatg gttaccttca ggacagtga gctgcattta tcagagcact attgctaagt 540
tttcttttct ggcttgtgtt tttctgggac agttttagaat tgggaggcct attctcatag 600
aacacaaaaa atgatgttca gtgattcatt taacatacac caatgtactc tggctgctgg 660
ggggacaacc ataagcaaga catgccagg gtttgccgtg gctccagatc tactccctgt 720
aggagttcaa ggatcacaca aacggtagta accaggggtg tgaatctgag tacaccctgg 780
caaggcttct ctccagactg aagcagcaat tctgccacta ccagcagcaa ccaggacgtc 840
tgttctttgt gggggccaga tcagaagaga gaggcccctg tgacgcccgg gctgcttggg 900
cacaactctg tccaattcaa ggatgtttat cggcctctct tagatcctga gtgagacaaa 960
tacagaaatg acccattccc tgcccaccag aaactcagag gtgattgggg agactgacac1020
aggaaaatga acttaataca gagagactgt gatatgtgct aagaagggtg tgagggaggg1080
agagatgaat tttccctgga gggatcctag aaagcattgt catattgcca tctccattag1140
ctcactttta aacaactagg gtgctggaag aacctttgtc tgagggtagt tcatagctgg1200
aaatactttg aatattttcc agagtctcta aactctcacc ttccccca gatacacatc1260
caagctcaca aataggagta gcaattctag gtggtagggg tgtgtacgga acccctgggt1320
gtctgcatat atctcagaat taccaccagg ccatgtgcc aaagtctaga gtctttacag1380
gtaggcaaaa tttgttttca atgcctgtgc ctacagctgt gtcacaaata cccatcttag1440
gatcccatca gcttccatc ccccaccaga cagccacagt accctcactt tctccctatt1500
gttctttcaa atcctgttct caggaaagaa actgccata attcattcac actaagggtg1560
aaatgattga taataggaat gagttacctc ttcccacaga catttgttt taagtatgac1620
agagcagggc ttaaatccca agggaaaagg ttatggaaact ggagggggtg agctttctgg1680
gtagaaggag acttctgaa tttccttaaa acccagtaag agtaagacct gttgttttgg1740
aaggctctgt ccaccatcta agagcactgt tttttttttt gttgtgtgtg ttgttacggg1800
ctctgaggga atatagtaaa aatgcatatg cacgtgcaat ttgcacggca gcatttcaccl860

```

gattgtggac tgtattggct aatgtgtttc ctggctctta gatgcaaac attaatataca1920
 ctatcttata tcatagtttt ttcaggggtg cttcttgyatt agtggggtat tttgaacacc1980
 tcttttaata cagctagaaa ataaaaccaa tttgtaaagc cacatttgca tatgatgcca2040
 gctcacgca tttgtatatc tccagaaatt caggtatgcc tcaccaattt gcccgctcttt2100
 aataaaatct tgtgttaaaa tttgcatcac gtcgccttcc tatgtatgac gaaacaagaa2160
 acagagattt ccaattgctc ttttgtcttc agacatttag taatataaag tacctatttt2220
 tatgctgaaa tgtttataca ggtttattaa tagcaagtgc aactaactgg cggcatgcct2280
 tgcaacacat tttgatatat tagccatgct tccgggtaaa ggcaagcccc aaactcctta2340
 tcttttgag tctctctggg atcagtaaaa gaaaaaaaaa ataattgtgct taagaagtgg2400
 gactgtaaat atgtatattt aactttgtat agcccatgta cctaccttgt atagaaaaat2460
 aattttaaaa atttgaatgg aagggggtaa aggagggtcat gaagtttttt tgcattttta2520
 ttttaaatgaa ggaattccaa ataactcacc tacagatttt tagcacaaaa atagccattg2580
 taaagtgtta aaatttacga taagtattct attggggagg aaaggtaact ctgatctcag2640
 ttacagtttt ttttcccttt ttaatttcat tattttgggt ttttgggttt tgcagtccta2700
 tttatctgca gtcgtattaa gtcctattgc tagaataggt tactacaaaa aaggttatat2760
 tctgaaagaa aaataactga catttatatat aaccaattaa tttaaagtat tgccatttaa2820
 attacacact gagagcatgt cctatgcaga catagatttt tctgttcatt tatttttctt2880
 cattgcagtg gattgatttg ataaatagat gtgttgaatt actacatttg ctgtacatat2940
 tatttaataa actttattca gaattgcgtg gcaaaaaaaaa 2980

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 227 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

cagcattgct ccacggcaca gcataaggat agatcccaag tccacagggt ccattttgca 60
 ggtcatattc tgatcctagg aaatgtcctt ttcccatagt tgcctatgc ctttgggttt120
 tagtctatcc caggggtaac tgtggagaaa tcattgggtt gagagtcaag agagcattgg180
 ttttgagact ttaatccctt tctggttgaa ataagggtgt caacttg 227

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 246 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74

```
ctcgtgccgg tttgggtttg gtgaaactag tccaaaacag ggagtttaac agacagccac 60
agccaaagag tgtcatgtga gttacaggaa gtagagccca tttagggaac ggtagaacta120
gagagggttt tcaggatagt tccatgttga gcagttgagt catagcttct gatcttggag180
gaaggacaca cttcaaaggg gcagtaagga ttttgtaaaa cgtggcatcc ataatttact240
atggggg                                     246
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 773 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```
cggaagtgtg aaggttctcg cctctcctcg gccaggcgga acctctctgc tgggcccggg 60
ggccgcacaaa gaactttctt tctcccgccc gaacggtcgc cgcgccaac tgcctcgccc120
gcctggcagc ctaacctcc tctcttctt ctctctcgc gcttcgcgc gccctgcctc180
```

DE 198 18 620 A 1

```
cctctcgccc ggcggcatcc gcttgetgct gccaccgact cctcatcttc tgccccggcca240
accggcctgc cccgctgcag tgatgtgcga caaggagttc atgtgggccc tgaaaaacgg300
agacttgat gaggtgaaag actatgtggc caaggagaa gatgtcaacc ggacactaga360
aggtggaagg aaacctcttc attatgcagc agattgtggg cagcttgaaa tcctggaatt420
tctgtgctg aaaggagcag atattaatgc tccagataaa catcatatta ctctcttct480
gtctgctgtc tatgagggtc atgtttcctg tgtgaaattg cttctgtcaa aggggtgctga540
taagactgtg aaaggcccag atggactgac cgcctttgaa gccactgaca accaggcaat600
caaagctctt ctccagtgat ggatggatgg actgataact ccggaagaat gactctcctg660
tggcctcaca ctgctgcctg tctgtctgtc actctctatc tgccagcttc ttcagctaaa720
tactttaaga ggggtgaggg gagagagaaa ttcataacaa atccgactac cag 773
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 293 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```
gcaacgggca gctgggtcag ccattcttct gttagcagat ctttgacttt gccctgaaca 60
atgttggttg caatcactgl gcttatttat ccaaacttca ttcaggaata catacggaal20
actgtctcta attttcccta cagagatgat gtcagtgcag tgaatctacc tgtttgggcc180
ttattatrrt tctgtttatt agcattaatc ttgactttta agggttaatt gatagctgtg240
tttgactac taaccgtaca atcaatggtg gggactcttc tgatgtccgg ggt 293
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 870 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77

```

gacccggcgt ggctactagg agaaggacgt acggtcctgc tagtagagga atatgtcgag 60
tttctctagg gcgccccagc aatgggccac ttttgctaga atatggtatc tcttagatgg120
gaaaatgcag ccacctggca aacttgctgc tatggcatct ataagacttc agggattaca180
taaacctgtg taccatgcac tgagtgcactg tggggatcat gttgttataa tgaacacaag240
acacattgca ttttctggaa acaaatggga acaaaaagta tactcttcgc atactggcta300
cccagggtgga ttttagacaag taacagctgc tcagcttcac ctgagggatc cagtggcaat360
tgtaaaacta gctatztatg gcatgctgcc aaaaaacctt cacagaagaa caatgatgga420
aagggttgcac ctttttccag atgagtatat tccagaagat attcttaaga atttagtaga480
ggagcttcct caaccacgaa aaatacctaa acgtctagat gagtacacac aagaagaaat540
agacgccttc ccaagattgt ggactccacc tgaagattat cggctataag agaataagaa600
ttgcagaaaa taacagtga gtagtgaaa ctttcttctg atgagtttct ctaacctaca660
ggatggagta aaacaactgc tacagttcag cacctgtttt atgtgccgaa tcactgtggg720
gaaaggtcag gaagggtgtg tccttcaata ggaaattgta attaaaatat aattttatag780
aaccattttt atgtaatctg atttgaatgt tatagttgat aataataaaa tcacttactt840
ggttgactaa aaaaaaaaaa aaagtcgacg
870

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 237 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

ttgtgatcgg ctatccttcc cggatcaaca gcgagcccag cccggtcatc tacaaccggc 60
 ccgggaacaa cgtgaaactg aactgcatgg ctatggggat ttccaaagct gacatcacgt120
 gggagttaac ggataagtcg catctgaagg caggggttca ggctcgtctg tatggaaaca180
 gatttcttca accccagggg tcaatgacct attcagcatg ccacaaagag gggtggc 237

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 439 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

gtttgggaag ttgagatttg gagcgaataa gtagggatct ggcaagagga tcatctacct 60
 cagtcattag gatttcttaa taaaaaagag attgtatatt tgagttgggt attaaagatta120
 taaaatttag cccttccttt gaaatatgac atcagctttg ctgttctaaa tttaaaatta180
 gttgcttcat cagtagcaca cttccagttt ctataccaag ccagtccttct cagttttccc240
 cttaggatgg gacaagtctg ttcagggggt cattctgtaa gggttcagcag ggggtttggg300
 agaggattta aggggaaata cagtgggggc agaattgggt cgggggttaa ggtaggggac360
 aagggaggga gggcgaaagg aggggtggaa ggatgggggc cttacctaga tcgggggatg420
 ccgggggggc aaggcaagg 439

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2483 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

```

gcaaaagtct tcaaaactatt gagaaagagc catagactga gtgcaggcac cagtgcgctc 60
ttattactgt gtcaattaaa tgaatgtatt tgaatgtttg gatacttacc tctgaatgta 120
ttttgagtaa taacttcaag tgcaatttat gccatgcata atttcttttg tctcatgttt 180
ttcccccttt ttcttttagg ctttgtcttc tgagtctata gaaaaacttc cagtttttaa 240
caagtcagcc ttcaaacatt atcagatgag ctctgaggct gatgactggt gtatcccaag 300
cagggaacca aagaacctgg caaaagaagt ggccatgtga agagggacac tcaggacact 360
ttacgggatc aaagtgggtc tacaccagtg ctgcttcctg aatgtttgtg tgtgaaccct 420
tgtttcctcc aaaacaaaacg acagcaacga aaactcctta atcagaacac tgatccaatg 480
aggaatggag cttgtttctg tgaccaggga gaacttagtg caagactaca ggagttaaca 540
gatggccagc tccttatttt ttaatgtaga ataactcctg agtttatatc aaatcctgaa 600
gaaataagcc tcagttttcc atctgttttt gataagaata agaaagggag tgagtgtgaa 660
gatggtggtt agcagtttca ctaagactga tatttttaggc ctcttggtca catcaaaaga 720
lattggtgtc agaataccag cattttcctg ccattgcaaag gattaaaact tagtttacac 780
tatgtggtta caaatatag tcaatgtaca ttttgaacat atttatgtgc tatggaagga 840
aatgctggtg actaaaataa ggtttactct gaaagaggag gaattttatt caaagcattc 900
aaacatttta tcaagtgtt tcaaaattca aagcattgta ttcaaagttg cagtgaaggc 960
atcaacttat gtaaaaactc agaaggaagg ctctctgat aaaaacacag ctcttttatt 1020
atgctgcttt tcttgctcac ttacacact aagtaaacac ttattgtcag gtgcctagtc 1080
ttgagtgaat tgttagatgt gcaactgaact cgggatgttg gggattggag agagagaatt 1140
gccaaagtaa cagcaaaaat atctcttact ttgctttgtt tataaataaa ttagtagatt 1200
ggaaaaacta ggttagagga aagaaatcac atgttcagag cctaattcag taggaagggc 1260
ttttctctac cctgaaatga aggtaatcca aaggcatcca tttctaggc ttaaaagata 1320
tatttttgat atatttaatg atattctcta cactccagca ttaatatgtc tgtttaaaaa 1380
ttactaattc tcaaatggct caagaacatt agaatttaag taccttttag agtaattatt 1440
ttaaqcaaat aacctggacg taagagattc tcatgccagc atgctttcat ttgtcagttg 1500
ttgtgactga gagataatga atgacacctg aaatgcata ggtatttttg ggagagttaa 1560
ggtataattt gaaggttggc agaccagttg ggctgattac tcttagagaa gaagaaatgg 1620
aaaaatgaaa gaaggcagga aggaaagaaa ggatatagga agagagggaa gcagaaggca 1680
ggcatttttc tattttcccc acaattatt tcaaaaaaaa tctgtatttt ctgggatatg 1740
tcattggcaa gaggagaac tgggttttg aaagcagtat ggattcctta aatgcctctc 1800
actcttaca gtagtaggc tttagataa taaacttacc cgtgtcaatt aacatttaaa 1860
ctggcatata gaaaaaaagg aggatttttc tgcattgtaa aataatcagt atgggtttata 1920
tgttgaattt qacatttgtg tgtaatttca tgggtggccta gtgttggtg gcttctggta 1980
atggtaatag aagctcaact atttttttgt ggatttcagt ttttatcatc agaagtccta 2040
gacagtgaca ttctttaatg gtgggagtc agtcatgca tttctgatta tacaaaacag 2100
tttgagtag gttatttgtc atttcagttt tttactgaaa tttgagctaa acatttttac 2160
atgtaaatat ttgtatttac caaagattta aatcagttga ttaattaatt aactcaataa 2220
ctgtgaacta tctttaaaac actagaaaaa agaaatgtta gtatctcaat tacaccaact 2280
gtgcaaatga actttgataa aatagaaata atctacattg gcctttgtga aatctgggga 2340
agagctttag gattctagta gatggatact gaatactcag gccacttaa tttattaatg 2400
tatacattgt gtttttgtct ttatgctatg tacagagaaa tgtgataatt ttttataata 2460
aatatttttt atgatgataa aag
2483

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

aaaaaagtgg gagcagttga ttagttgatg tgtttgaacc tattgagaag gactttctat 60
tctgctacgg acttttaggga tgaatttgca ctagacaggt aaaaaactaa ccaggggatt120
aaaaaatagt gtttaacttc tggggaaaca aggtgaataa ggaaggaaat gcaggcattg180
aagttatagg gcactacatg ac 202

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 353 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

ggtggtgggg ggggggggtg tgggccaaaa gacttcggta tctgacaaca gcatcatcta 60
cctcagtcac tagggtttct taataaaaaa gaggttgat ttttgacttg gttattaagg120
ttattaaaat tagcccttcc ttgaaatat gacatcagct ttgctgttct aaatttaaaa180

DE 198 18 620 A 1

ttagttgctt catcagtacc acacttccag tttctatacc aagccagtct cctcagtttt240
cccattagaa tggacatgtg ctgttcagcg tgtcatgct gtaattgctt atgcagagag300
tttggtcata gtattaaaga gaaaatacag tgaggtcaca atgtctccag agc 353

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1039 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```

cggggataac caaacacagc tggtttacggt ttctccctta acccatgctt tcataaacc 60
cttcggacag cttccccgtc caggttttct aaccacacct accccagggg tgccgcattc 120
ctgcactcag aagtctgcag cgggtccctca aaaaacttga ttgtgccata aaaatcactg 180
gggatcttgt taatacagct tctaactcaa tagatctggg agatcctgca tttctaaca 240
gctcccaggt aaggcggagg ctgctggtgt gaggaccatg ctgtgagcag cagggcgaga 300
gtgcccaggg ctgatatata ttggaaatat caccctgaa gccatcctg gccccacct 360
cctgtggact gatgccccag ggattccac cccactctg caaccacag tatccttcat 420
tatccacccc atcccagact cccacccag ggattgccc tgaagacttt ggcctagcaa 480
attgtgttg ttatgtgagt gttgttttaa tcagagatgt acatgattgc caatctgcat 540
ttcttaccag tgtgaccaca ctgttacgat gcaattctag ccaaaaaaaaa actttttcct 600
agtcttatgg aaagcaaata tacaatgatt ttcagtaggc ttctggaata gaaacagtgg 660
tttgaagacc ccaactgccac ctttatggac tggcccctt gagtctgaat ccccgccctc 720
tgtcacctga gacccaaccc ctagctgggc caactccagt gaattcaccc atttttcttc 780
ttcagaaggc ctttctgtg tgagaccac atattttaac cttttgctcc tatccattt 840
ttaagaatt agagaataaa ccaggcctgt ttcttttccc ctgaaatccc tgctctggc 900
ttcctaaacc catcatctaa ggtgacagag cagtgtggg aataggcatc ttcctttcaa 960
ctttcccaa actggccaca gataggctg ccattggga ggtctttgga tttcggggga 1020
ggcaaacgtg ggggattgt 1039

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 270 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```
gaacagttgg aagcttctta tctcttttta gggctttaac aaagaatttt gttttatatt 60
tagaccgagg tctataactt gttctgtgac aggcaagata gtaaatagat aagactttgc120
aggccagacc atctctgctg tgatgactcc actctacctt tgtaaaagaa aagcagccat180
agacaatatg taaacaaatg agcaaggctg tgtgccgata aaactattaa agggcactga240
aattttcagt tcatataatg ttttcaggga                270
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 330 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```
agtgtattca gcaaatgagg gtcagaactt tcagtttatt gatggttatt cagccgcaga 60
tgagagttta tgcgtcagcc acttcaattt ctgtaaacag aggcacaggc caaggactgt120
aaggggcaga actagttttt cttcaaaatt gcctaggcat aataaggaaa atagcacttt180
tatttcaagg aaaccgatgg aatgttcaaa tgaggaagtt gttaatcaag ggcagtcgga240
tggatcaatg ggtaaatatt aggtggcgtc aaggaggggc ttatattcac tcaaaccggg300
atgttatttg gtcgggccaa ggttggaagg                330
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86.

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 235 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

```
atttaagtat_ttttagttt ttaaaatgtc tttccggtga gggaaggagc cccagccaga 60
aagcaattca atcatggtca agtttccaac tgagtcattc tgtgagtggg taatcaggaa120
aaatgaggat ccaaaagaca aaaatcaaag acagatgggg tctgtgactg gatctttatc180
atccattcta aatccgattg aatattgcgg gcttacaaaa tgccaagggg gtgac 235
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 189 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

```

gggaggcttt gtgttgggga gtttgggtat ttgggattct aattgttaac cccagaagaa 60
ggtaatttag cttgtattta attaaaaacc cttaggccgt tacttatato tggtagaatt120
ccagtgatca gcctaataag gtatatcca gaataatttt ttttcccttc agaataactt180
agaatcaga
189

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

35

```

caggaccagc ctggccaaca tggcaaaacc ctgtctctac taaaaagtaa aaaaaattag 60
ccgggcatgg tggcttgtgc ttgtagtccc acttcagttc aagtagctgg gactacaggc120
acgtgccaca agcccagcta atgtgggtgt ttgttttagg atgaggtagg gccatattgc180
ccaggctcgt cttgaacacc ggggtcgaag gaatctgccc atcttcgccc cccaaagtcc240
tgagatagca ggtgtgagtc atcatgccca gcctccttga agtttactaa caattgggat300
aactgaggga agagaagtga caattccact cagtctatta gaggtctgga tataaggtag360
ccacacaata actctaactt gacttctaac cattctatct tattgatttg gaggtgtct420
tctgccagat tttttgtggc ttgagatgat attttcgaac ccttccttca ctacctttct480
taccttaat gtgccaagct tgaacagga ttgtatttcc tgagctactt gttcgccttc540
tgtgcgtcac caagtaatct ggttcattct tcgtctcatt catgttattt tcaagtgaag600
caagacattt tgggggtcaa gtctctttgg gtgttttgtt tttatgtata taaaaatgga660
ttttgtgttc cctttccatg taagtaccaa cttatatgga aactcacaat cataatgtaa720
agaagaaatg aaagcctggg gtattgtact tcaagatgcc tccctgatgt atagaatctc780
cttgtaaaat aaataattgc attgtatatc agtcttccca tcaatattaa ttattaaata840
ttttagaatt tttaaatacc aactat
866

```

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 224 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```
agcagttgga agcttcttat gtcttgggag ggtcttaaca aaggattttg tgtgatgttt 60
agacccaggt ctataacttg ttctgtgaca ggcaaggtag taaatagata agactttgca120
ggccagacca tctctgctgt gatgactccg ctctagcttg gtaaaagaaa agcagccata180
gacaatatgt aaacaaatga gcaaggctgt gtgccgataa cact 224
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 846 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```
ctccttgtcc aacggaaaaa acatggaagg gttaagccta aacaaccctc aaacggaact 60
ttatgccaga aaacaactac ggaataaaaa cccacaaaaa tacagagagg aacgttttta120
accttttaggg cctgcgtcct ctgccttttg cccatcaggg tcaaagagta ggagtgaggal80
aggaagggat gggacagcat cccctgggac gttcaagtac catccctggt ctccactctc240
cagccttaga gagtggacca gccagagcac ctcgtctgga ctctcagacc tgctgctttg300
```


DE 198 18 620 A 1

```

tctctaccaa ccttggcagg gatctaggat ccatcttagtg qgatcaggtc ccagtcaata360
ccattggggc tcaataaagt tcttagaacc acagagtcta gggccagggt cccaactcat420
aggtgacgga gttccctttc aagctcgtgc cgaattcggc acgagcgggc acgagcttga480
agggaaactcc gtcagctatg agttggggacc ctggccctag actctgtggt tctaagaact540
tatttgagcc ccaatggtat tgactgggac ctgatccac taaatggatc ctatgccct600
gccaaggttg gtagagacaa agcagcaggt ctgagagtcc agacgaggtg ctctggctgg660
tccactctct aaggtctggag aaggagagacc aggatggtac ttgaacgtcc cagggatgct720
gtcccatccc ttccttcctc actcctactc ttgaccctg atggccaaag ccagagacgc780
aggccctaaa ggtaaaaaag tcctctctgt attctctggc ttttactccc tagtgtctct840
gcataa
846

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 223 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```

ctcaaaggaa aagttaacaa agaaaaagga tgcgtagaca acaattccat ttaggtgatg 60
ttaattgaag tacctgcagt gatacataac agataaatgg gtgccagggg ccaggacag120
gggaggggat ggtgtggcc agaaaggggt aacacaaagg agtcttgtga taatggaatt180
gttctggatc ttggttgtgg tggtagttat gcaaggctac atg
223

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1374 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

15  cgaaagcgtc ggactaccgt tggtttccgc aacttcctgg attatcctcg ccaaggactt 60
    tgcaatatat ttttccgcct tttctggaag gatttcgctg cttcccgaag gtcttggaag 120
    agcgctctag ctctgtggga aggttttggg ctctctggct cggattttgc aatttctccc 180
    tggggactgc cgtggagccg catccactgt ggattataat tgcaacatga cgctggaaga 240
20  gctcgtggcg tgcgacaacg cggcgcgaga gatgcagacg gtgaccgcgc cgggtggagga 300
    gctttttggtg gccgctcagc gccaggatcg cctcacagtg ggggtgtacg agtcggccaa 360
    gttgatgaat gtggaccagc acagcgtggg cctctgcctc ttggccattg acgaggagga 420
    ggaggatgac atcgccctgc aaatccactt cacgctcatc cagtccttct gctgtgacaa 480
    cgacatcaac atcgtgcggg tgtcgggcat gcagcgcctg gcgcagctcc tgggagagcc 540
25  ggccgagacc cagggcacca ccgaggcccc agacctgcat tgtctcctgg tcacgaaccc 600
    tcacacggac gcctggaaga gccacggctt ggtggaggtg gccagctact gcgaagaaag 660
    ccggggcaac aaccagtggg tcccctacat ctctcttcag gaacgctgag gcccttcccc 720
    gcagcagaat ctgttgagtt gctgccacaa acaaaaaata caataaatat ttgaaccccc 780
    tcccccccag cacaaccccc ccāaaacaaā ccaaccacg aggaccatcg ggggcagagt 840
30  cgtttgagac tgaagaggaa gaggaggagg agaaggggag tgagcggccg caccagggc 900
    agagatccag gagctggcgg ccgccgatca gatggagaag gggggaccca gccagcagg 960
    agacaggacc ccggaagctg aggccttggg atggagcaga agccggagtg gcggggcacg 1020
    ctgcgcctt ccccatcacg gaggggtccag actgtccact cgggggtgga gtgagactga 1080
    ctgcaagccc caccctcctt gagactggag ctggcgtctg catacagag acttgggttg 1140
35  acttggttg tcttgtctg caccctcgac aagaccacac tttgggactt gggagctggg 1200
    gctgaagttg ctctgtaccc atgaactccc agtttgcgaa ttatagagac aatctatatt 1260
    gttacttgca cttgttatc gaaccactga gacgagatg ggaagcatag atatctatat 1320
    ttttatttct actatgaggg ccttgtaata aatttctaaa gcctctgaaa aaaa 1374

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 761 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

gcctgatggg ctggagccag actgtggtct gaggaggaga cacagcctta taagctgagg 60
gagtggagag gcccggggcc aggaaagcag agacagacaa agcgttagga gaagaagaga 120
ggcagggaag acaagccagg cacgatggcc accttcccac cagcaaccag cgccccccag 180
cagccccccag gcccgaggga cgaggactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg 240
gcccattcct acctcggagg tggaggccgg aaaggctcga ccaagagaga agctgctgcc 300
aacaccaacc gcccagccc tggcgggcac gagaggaaac tggtagccaa gctgcagaat 360
tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca 420
tggacactac acccagcaat agagacggga ctgcggagga aggaggacc aggacaggat 480
ccaggccggc ttgccacacc ccccaccctt aggacttatt cccgctgact gagtctctga 540
ggggctacca ggaagcgcc tccaacccta gcaaaagtgc aagatgggga gtgagaggct 600
gggaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg 660
gctcctccag ggtggcagca acaataaata gacacgcacg gcagcacaaa aaaaaaaaaa 720
aaaaaaaaatcc ttgttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 761

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1825 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

agggaagcta gtagcggacc ggaagtgagg caccctcggg ctcgagacag cggcgacgtt 60
taaagctgag cgaccagtg ccactggaga cggtcagctt ctccactcag gctcctccag 120
cccgagccag aagacccct ccccagaat tctgggggcc gatggaagg agccgagtca 180
gatcgcgagg taccagagc cgacagacc gagcgacagg gatttgccag aagccccgcc 240
cctaggagtg atcggaaagc ctcaccatc cgggtgagga acccgagga ccgcctccgg 300
gcggagcgcc gaccatgget acgcccctgg tggcgggtcc cgcagctcta cgcttcgccc 360
ccgcggctag ctggcagggt gtgcgggac gctgcgtgga acattttccg cgagtactgg 420
agtttctgcg atctctgcgc gctgttgccc ctggcttggt tcgctaccgg caccacgaac 480
gcctttgtat gggcctaaag gccaaagtgg tggtagagct gatcctgcag gcccgccctt 540
gggcccaggt cctgaaagcc ctgaatcacc actttccaga atctggacct atagtgcggg 600
atcccaggc tacaaagcag gatctgagga agattttgga ggcacaggaa actttttacc 660
agcaggtgaa gcagctgtca gaggctcctg tggatttggc ctggaagctg caggaaacttg 720

DE 198 18 620 A 1

```

aacaagagta tggggaaccc tttctggctg ccatggaaaa gctgtttttt gagtacttgt 780
gtcagctgga gaaagcaetg cctacaccgc aggcacagca gcttcaggat gtgctgagtt 840
ggatgcagcc tggagtctct atcacctctt ctcttgccgt gagacaatat ggtgtggaca 900
5 tgggggtggct gcttccagag tgctctgtta ctgactcagt gaacctggct gagcccatgg 960
aacagaatcc tcttcagcaa caaagactag cactccacaa tcccctgcca aaagccaagc1020
ctggcacaca tcttctctag ggaccatctt caaggacgca cccagaacct ctagtggcc1080
gacacttcaa tctggcccct ctaggccgac gaagagttca gtcccaatgg gcctccacta1140
ggggaggcca taaggagcgc cccacagtca tgctgtttcc ctttaggaat ctcggtcac1200
10 caaccaggt catatctaag cctgagagca aggaagaaca tgcgatatac acagcagacc1260
tagccatggg cacaagagca gcctccactg ggaagtctaa gagtccatgc cagaccctgg1320
ggggaagggc tctgaaggag aacccagttg acttgccctgc cacagagcaa aaggagaatt1380
gcttgagattg ctacatggac cccctgagac tatcattatt acctcctagg gccaggaagc1440
cagtgtgtcc tccgtctctg tgcagctccg tcattaccat aggggacttg gttttagact1500
15 ctgatgagga agaaaatggc cagggggaag gaaaggaatc tctggaaaac tatcagaaga1560
caaagtttga caccttgata cccactctct gtgaatacct acccccttct ggccacggtg1620
ccatacctgt ttcttccctg gactgtagag acagtcttag acctttgtga tagaactaaa1680
atgctctctg tactctagtc tctgctctcc tcagctctgc aagtagttta gtaggaatga1740
agtggaaagtc caggcttggg ttgcctaact acactgctaa aaatatttgt aatccttaat1800
20 aattaaactt tggatttgtt aaaaa
1825

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1374 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

ccgggattcg ccctccgggg agcgatttgt cctcgggagg ggcggggagg tggacgcggg 60
55 taccggcggg cgctcgggtcg gcagcctttg gtcagttggc agcgggaagc gcgctgcggg 120
tccggtggcg ccatgtcggt ctgcagcttc ttccggggcg aggttttcca gaatcacttt 180
gaacctggcg tttaoctgtg tgccaagtgt ggetatgagc tgttctccag ccgctcgaag 240
tatgcacact cgtctccatg gccggcggtc accgagacca ttacgcgcca cagcgtggcc 300
aagcgtccgg agcacaatag atctgaagcc ttgaaggtgt cctgtggcaa gtgtggcaat 360
60 gggttggggc acgagttcct gaacgacggc cccaagccgg ggcagtcctg attctgaata 420
ttcagcagct cgtgaagtt tgctccctaaa ggcaagaaa cttctgcctc ccagggtcac 480
taggcgggca gccacacccc accccagacg gccaccacac tgaggccaca cgttggccat 540
tccaccttgg agttggaacc ctggggcgctg agacaggaag gcagggcgca gtggttgaaa 600
catcaggaca ctcccaaggc cccggtctctg aacaagacct ttctgtttct tggaaaagag 660
65 actcatttgc tgatggttca tgccttctgc tgggacaggc ctgggctgtg cagccacact 720
gtcggctgac ttagccccct gctcactcta ggtgcctcca ggaggtgagc cctgggtgca 780

```

gctggtctct gaatgacgtt acaccctcac cttcttttcc tggcctctgc tctggactct 840
 cccctgtgag gcccaattcc aagacagact ctgctctcca ccgaagctta ggccacatc 900
 tcccaggctg cttaggagac agaattgaaa cggaggccgc cctgcccagc cgccttgcc 960
 ctggtcactg catgatccgc tctggtcaaa cccttccagg ccagccagag tggggatggt1020
 ctgtgacctg ctggaagggc aggtgatgg ggcacaccct tggcctctcg tccacgagg1080
 gagaaaccta aacctgtttt cacaatctgt gcggaagtag cttgcctcac ttctgcttag1140
 gaaagcggct gttgctccat aactctaacc agcacagggc tgaggcctgc agtgcacacc1200
 tgacgggag cccttcccaa ggtgtggtga ctgtgcctta ctgtacatgc tcggaggcct1260
 ggccatatag gaggtgggt gatgctgaaa tcaccccca tcttaagtaa ttactttctg1320
 gagtaatcag gtggaatcc atagacaaat gaaacattca gatgtaaaaa aaaa 1374

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1234 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

cttggaagc tcttgatct ttgtcaacct gactgtgcga ttctgtatct tgggaaaaga 60
 gtccctttat gacacattcc atactgtggc tgacatgatg tatttctgcc agatgctggc 120
 agttgtggaa actatcaatg cagcaattgg agtcactacg tcaccgggtgc tgccttctct 180
 gatccagctt cttggaagaa attttatttt gtttatcatc tttggcacca tggagaagaa 240
 gcagaacaaa gctgtggttt tctttgtgtt ttatttgtgg agtgcaattg aaattttcag 300
 gtactctttc tacatgctga cgtgcattga catggattgg aagggtgctca catggcttcg 360
 ttacactctg tggattccct tatatccact gggatgtttg gcggaagctg tctcagtgat 420
 tcagtccatt ccaatattca atgagaccgg acgattcagt ttcacattgc catatccagt 480
 gaaaatcaaa gttagatttt ccttttttct tcagatttat cttataatga ttttttagg 540
 tttatacata aatttttcgtc acctttataa acagcgcaga cggcgctatg gacaaaaaaa 600
 gaaaaagatc cactaaaaag aaagatttag atggcttctt gccagtttga gcctaattctg 660
 attcttacag ttttaccttc ttgaaccaat gtaaaagtgt ttttaagtgt aaatgattaa 720
 attctcagtg aggtatctt ccttttcccc agtaacattc ctgaatttac tgttatctta 780
 ttgtagtact tgcattgacat ggattcctga tatctgatga gaggttcatt cttgtgtatt 840
 cagttaatga caccaaaagg ctacgccac cccaacccta tctcatgttc agtctgtcta 900
 atacatgccg gagatttttt tttcaaaaag tgctttatcc ctacaatgta ctgacagttc 960
 ttacagttga gatttgttct tttcagctat tgcttgtgaa aaaaagcaag actatgtcac1020
 tctatagaag gctgttaaag tgactcaggc aggaattaat tattctgtac ctaaggggtt1080
 acttggttaa tgggatggca ttgacttttt gaaaatcaag tggactgagt cattgataaa1140
 acatttctaa gagtggggt agagaacata ctttacatct gacatccttt ggcctaacaa1200
 catctattat tatagtctc agcagtggtg gcattgaaga ggcgcagaat gctttgaaag1260
 aaactaatca gaatcttga acatcatgat catgccattc ttaagtaaat caactatttt1320

```

caacactgaa gaaaaatgaa acattatttta gazaacaat,j agattacaag ttccaaactc1380
agccaggaat gtggctcaca cctgtaaatcc cagcactttg ggacacctag gtgggagcat1440
cgcttgaagc caggagttca agaccagctt gggcaacgta gtggagaccc ctatctctac1500
5 aaaaaataaa aaaatttagct ggggtgtgatg gcacacacct gtttgtccca gctactcaag1560
aagctgagat gggaggatcc tgagctcagg aggtcaaggc tgcagtgagc cgagattgtg1620
ccactgcact gcagcctggg gtgacagtgc aagaccctgt ctcaaaccac accaaaccac1680
acacacacaa acacacatac acacacacac acacgaggtc caaatggtag cagggatcca1740
aagggaacac agtatgtagg tcaaactggc agtaacagtg tacagccttt gacaaactag1800
10 aaatattaga gtaggccaaa cacacctcca aactgtaagg ctgtgcacaa acataaaaaa1860
tggcagcctt ccatctcctg cactggctga gtccatttac ttgtgtactt gttctagtga1920
gtgggtgggac tgtacatttt tgaatagacc tcaaaaatac ttcattctgc tgctgttcag1980
ttggccttttt aaacctgtct gcagtaggac actgaaaaca gcaagaactt cggggtgaac2040
acccgctgat cctttaacaa ggatttctgg caggaaactc acaaaaagga gaactgaaaa2100
15 ttttagacata cagttggcca ttgtaaaaaa catcagtttc ctctcatata ttccaagtaa2160
accaagtataa ataagtgttg gagtaacact tgcataaaag aattttaagga gtgatagctc2220
tttctgttct gccattccca acattcctgg gggaaaggag actcaatgag ttaatactat2280
ttcactgagc ccaagatgga aacttggttt gacctaatac atctgattaa tataggctag2340
ctgatttctt aaaaattcgt tgcattgaag gatattttgc atgtctgtaa cacctgtcaa2400
20 tacttggttg tattgatttc tgatattctt gcagctgact acgtgtaatt gggcagatca2460
gctttgcagt agattatgct gcacccctct ggcaaaatct tgtattctta gtgattgtta2520
caaaccctt tattgctgtc tgagaaagtg aaagattgtg tatttctatt aaaacattta2580
caatcaaaaa aaaaagaaag aatagaagaa aaagg
2615

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 508 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

```

gttggcagaa acccggattc cggttccggt gggcctccat cagcaagctc cagtgcacg 60
tgtccctggc attttagggtg tcgggtgggt aggcagtcac ggatcaggta atgcagtttg120
60 ttgagccaag tcggcagttt gtaaaggact ccattcggct ggtaaaaaga tgcactaaac180
ctgatagaaa agaattccag aagattgcca tggcaacagc aataggattt gctataatgg240
gattcatggc cttctttgtg aaattgatcc atattcctat taataacatc attgttgggt300
getgaatata ttttgggaaga gaggttttca tcttagagat tgggtgaaca gtgtgaggg360
gtgagaaaact cacagaatac aaatttgccct gtatgttttg tgggtttttt ttttcccttt420
65 caagatgttt tctatttcta aattaaagta atttcaaagt aaaaaaaaaa aaaaagtcga480
cgcgccgcgc aatttagtag tagtaggc
508

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3588 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

```

ctccgtctca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaagggag ggaatcccat tttgtgatga 60
tttgggcaca ctacttgagc tgaggctagc agtcacatga ttttggctgt ctctgacctg 120
aagcttttga agtaagggtta tgtctcttcc ctgaagcttt gtttatagtg gtaatttggt 180
gagtttgagc tttgagcttg tcttagaaaa taagactgtc cacctgggga ggggagctta 240
tagggaaccc gtgttaactc agaatgtcga agaaagtgt ttagccaac aaaagtaaga 300
ttactatcta gaaggtggaa agaagtcatt gcttctgttc ctccagcagt cagttgactc 360
taggttttcc ttggtttata tccccagttc ttaatactaa aacttatttg acttcctatc 420
aggaagcaca caaaaaaagc gtcatttaaa accctggata taggctttaa aggatacaaa 480
aacagcagca ttgtcgtttt gccaggttca tcaccatttt gatgtgctac ccatccttcc 540
accctccctt tctgcccccc aagcctccca gccaggccag atgtgaagat tctattaatc 600
actgtttcag agaacattaa ttcttgata gaataattat ctactaaatt gcttattatc 660
tgtgactacc ttgcagagaa catctcaaca gtgcagtaaa atagctctcc tagacttgag 720
cttccagcca ggcattttaga tcaactctaa gcctttgtgg aattctgagg aaaaaaagca 780
agatgcctca atgccaatgc tgggccataa gattctactc ccctccctgt aggggtggggc 840
gcgtggctca gctttggaaa atcattttgc cagtaatatt gcctgtgaat ccctttaaga 900
agtcgtcctg atctgagcct gtctttctga gcactttggt gctgaattga aaatggtaag 960
ctaaagcagt gacagatcca cgtagcctct ttaacctctt tattatcttg ccaaaaaaaa1020
agttttctcag gttaaacctt tgtctttaac ctccctttgt tgtggagaaa atgtgtcact1080
aatcagtggt ccaagggata tctagctttg gttactcagt tctgcagca taacagatat1140
gacttatgcc agggaaggta gaggctgatt atggagacac ccaggaaacag gaataagaag1200
ggataggtct gctccacgta gaacctcccc agatcggaag ttaagtcttg gagagtttcc1260
aaagtgtcga agtaaaaaag agacttgag ggctttgct taatgagcaa gaggcttggt1320
tcctccaag aacatgagg agttcagaag ggagctatag ctacagaca gaaacctgcc1380
cgctcacccc atccctcgtg actgggagca tgtttgctca gaattttcta agaggactct1440
cccttcaaaa atccaatttg ctcccagaat gttgtttagc ctctgagaat ctactcttt1500
catttccatc tgtgaatgga catagatgtg ttgctcagg atcagaaaca tcagagtcca1560
gggccagtg gcatggtgtt gcattagtag tttagaaaagt aattggtcag ctctactgta1620
aaagaaataa gtatgtagta cagttttgta aatgtcaggt ctgttctgtt gttttgtgat1680
ctgaagactg tcaaaactgg tgataatcaa agaaaagggt ggtggttaga ataagtaaaa1740
tttcagttag aaagatatag cttaccagtt ttccatgtgc ttaaggaagt caagaatatt1800
tcaggttgtt gagaactggt gtaaaatgga attgaagcta gtgtctctca ccttcttagg1860
tgtatcagag agaggaagtg gaaggccagt agtagcatct tcatacttac ttttgccagc1920

```

```

ccagcctcca tttcaaagac tttgtcttcc atcctatcca atgacatygt cagggatggg1990
ctctgaggag gcagtgaggc cccaccttgg tttgtctcca tgggtgtgct agtctccaaa2340
cagcttaagg gtttttaagt tttctcacga ttacctccac tccactcatc tactatcagc2100
5 atcagaaaag ttaacatccc tgggaccatt ctacttataa aagagatgaa ctagtgtgct2160
ttctcccctt ttccagggtg gccatccata tacaatctcc tcttggccaa gttcaacaaa2220
tgtttccagg gaaccccggt ggttgaggca aagtagccaa gatgtattga gttaagtttt2280
tctagaggac aaaagtattt cttgtcccct tccctcatg ctcatatgtt ttagctgagg2340
cgtaaatggc caagttgagt aatatctgtg gaactgagac agagagccag ggacccatgt2400
10 acccagggac cagtcccctg gggaaacaca cagtggctca gactagactg ctctatccca2460
ccagaactct gctgctgttc atttccatca ggaccacca ggaaagcaaa taagttagcc2520
ttctcatcat taggtcacct aatctcttgg gttgcaggat gagagcatat atagatctcc2580
tgtttagaga gtgtgttcat aattgtagaa agggatagaa aatggaataa ccaagaggct2640
gtgtcatttt ttaagaggat ggcaaggatg acctcaaagt agctcaacaa aactgggaat2700
15 ccaaggaatg gtgctttagt ggaaagagag gtcagttgtg gtccttaaac ctcttgccac2760
cttggtcggt ttataaaaca aggagctgga gtaaaattgc ccttaccccc aatccaaatg2820
ctgtccaggc tttaggagct acccaacctg tggttatatg gtgttggttt ccattttttg2880
tttgtttgct tgtttccaaa atagccttgc ttggtactgc atggaaagt caagctttttc2940
ttcttgcccg ctccagggtg gcctcttccc cgtgtcttca cagcgtccct aaggaagatt3000
20 tttgcagcac tctctggagc tgaggggagt gaaatttggg ccagagaagg cggaaggaaa3060
tagttttcct gtttcccttt ctcgagggtg atgtcctcag gcttccctca cacctccttc3120
tcatgggtgc ggctggcagt acagtcaggc tgtggaggag ggctgagaag aaaggggcac3180
tggtccagcc ccagggttgg tctgagacag gtacacagca gataccatcc caccttcttc3240
tctaaagaac aggccagcca cacatataac cctttcccta ctttactaat gtatccctta3300
25 tgtgtacca gcaatggagg acaggcagac ttaccccctg ccacttagag agaattgtgt3360
tattaccctg aaaacttgac cacccccata tccactcct ttttgtaaaa acaaatgctt3420
aaacctgtga gcctgccgtt cctttctatg tgttaatcag tttccttcca tttgagctgt3480
gtgggaggga agggcattga aattgtagg tgtaatcttg tgccaaccaa taaaaccag3540
tatttcacac acaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 3588
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1218 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

tggtggcggt taaataacaa atctgctaaa gttaggcaac aggcagctga cttgatttct 60
cgaactgctg ttgtcatgaa gacttgtcaa gaggaaaaat tgatgggaca cttgggtgtt 120
65 gtattgtatg agtatttggg tgaagagtac cctgaagtat tgggcagcat tcttgagca 180
ctgaaggcca ttgtaaatgt cataggtatg cataagatga ctccaccaat taaagatctg 240

```


DE 198 18 620 A 1

```

ctgcctagac tcacccccat cttaaagaac agacatgaaa aaglacaaaga gaattgtatt 300
gatcttgttg gtcgtattgc tgacagggga gctgatatg tatctgcaag agagtggatg 360
aggatttgct ttgagctttt agagctctta aaagcccaca aaaaggctat tcgtagagcc 420
acagtcaaca catttggtta tattgcaaag gccattggcc ctcattgatgt attggctaca 480
cttctgaaca acctcaaagt tcaagaaagg cagaacagag ttgtaccac ttagcaata 540
gctattgttg cagaaacatg ttcacctttt acagtactcc ctgccttaat gaatgaatac 600
agagttcctg aactgaatgt tcaaaatgga gtgttaaaat cgctttcctt cttgtttgaa 660
tatattggtg aaatgggaaa agactacatt tatgccgtaa caccgttact tgaagatgct 720
ttaatggata gagaccttgt acacagacag acggctagtg cagtgggtaca gcacatgtca 780
cttgggggtt atggatttgg ttgtgaagat tcgctgaatc acttggtgaa ctatgtatgg 840
cccaatgtgt ttgagacatc tcctcatgta attcaggcag ttatgggagc cctagagggc 900
ctgagagttg ctattggacc atgtagaatg ttgcaatatt gtttacaggg tctgtttcac 960
ccagcccgga aagtcagaga tgtatatgtg aaaatttaca actccatcta cattgggtcc1020
caggacgctc tcatagcaca ttaccaaga atctacaacg atgataagaa ccacctaata1080
atccggttaa tgaaccttgg cctatagctt agtaatttta agtgggttat tttggtggtt1140
aatgccact gcttcacacc ttaaacttgc tttgagttgg tgggtgtacc tttaaacatg1200
cagatcagtg gtgactgg
1218

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ.ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1303 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

gtgctcaaga agtgccttga gttggtgtac agtgccatgg ccagcaagaa tccagattt 60
caggttttat tacaaaatgt aagtgggtcac ttggcgattt ttagtagatc gcatgagtta 120
ccttttttct ctatgtctga gaactgtcag attaaaacaa gatggcaaa agatcgtag 180
agtgcacaac aaatcacta tcccattaga cacatcatca aaagcttatt tttattcttg 240
cactggaaga atcgtaagtc aactgtttct tgacctggc agtgttcttg ctccaaatgg 300
tagtgattcc aaataatggt tctgttaaca ctttggcaga aaatgccagc tcagatattt 360
tgagatacta aggattatct ttggacatgt actgcagctt cttgtctctg ttttggatta 420
ctggaatacc catgggcctt ctcaagagtg ctggacttct aggacattaa gatgattgtc 480
agtaacattaa acttttcaat cccattatgc aatcttgttt gtaaatgtaa acttctaaaa 540
atatggttaa taacattcaa cctgtttatt acaacttaaa aggaacttca gtgaatttgt 600
ttttattttt taacaagatt tgtgaactga atatcatgaa ccatgttttg ataccctttt 660
ttcacgttgt gccaacggaa taggggtgtt gatatttctt catatgttaa ggagatgctt 720
caaatgtca attgctttta acttaaatca cctctcaaga gaccaaggtta cattacctc 780
attgtgtata taatgtttta ttttgtcag agcattctcc aggtttgcag ttttatttct 840
ataaagtatg ggtattatgt tgctcagtta ctcaaatggt actgtattgt ttatatttgt 900

```

DE 198 18 620 A 1

```

accccaazata acatcgctctg tactttctgt tttctgtatt qcattttgtc eggattcttt 960
aggctttatc agtgtaatct ctgcctttta agatatgtac agaaaatgtc ca+ataaattt1020
tccattgaag tcgaatgata ctgagaagcc tgtaaagagg agaaaaaac ataagctgtg1080
5 tttcccccata agttttttta aattgtatat tgtatttgta gtaatatcc aaaagaatgt1140
aaataggaaa tagaagagtg atgcttatgt taagtcctaa cactacagta gaagaatgga1200
agcagtgcac ataaattaca tttttcccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaagt1260
atcgttga atgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1303

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2333 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

tgaaaaatgc ggacagtata ttcagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
actagaaaat gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgta 120
ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtgggt ggagagttaa agggctcctt 180
45 tcggatctac cctctgccgg atgacccagc cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
attacctgac agcgtccac aggaatgcac ggttaggatt tacattgttc gaggettga 300
gctccagccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
aaaagtcatt gaagaccgag atcactacat tcccaacact ctcaaccag tctttggcag 420
gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
50 ttatgacacc tttaaccggg atgaaaaagt aggagaaaca attattgatc tggaaaaccg 540
attcctttcc cgtttgggt cccaatgcgg cataccagag gactactgtg tttctggagt 600
caatacctgg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaatgtcg ccagattcaa 660
aggcttccca caaccatcc tttccgaaga tgggagtga atcagatatg gaggacgaga 720
ctacagcttg gatgaatttg aagccaacaa aatcctgcac cagcacctcg gggcccctga 780
55 agagcggctt gctcttcaca tcctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaaac 840
aaggactttg cacagcacct tcacgcccaa catttccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
ggatgttttc cccaagagtt tggggccacc aggcctcct ttcaacatca caccgccgaa 960
agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgtta tcttgacga1020
gaaaagcatc acaggagagg aaatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttctggcaal080
60 tgaagaaaaa aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatgggt aagggaattt1140
taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ccttccagcc gaacaactct gtatcgttgc1200
gaaaaaagag catttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatccac ccaggctgat1260
cattcagata tgggacaatg acaagttttc tctggatgac tacttgggtt tcctagaact1320
65 tgacttgcgt cacacgatca ttctgcaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat1380
tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctccctct ttgagcagaal440

```

DE 198 18 620 A 1

```

gtccatgaaa ggatggtggc catgctacgc agagaaagat ggcgcgccgcg taatggctgg1500
gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgaagaggag gccgacgaga ggcagccgg1560
gaaggggcgg gacgaacca acatgaacc caagctggac ttaccaaadc gaccagaac1620
ctccttctc tggttcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcacgtgtt ggcgcgcgtt1680
taagtgggtc atcatcggtc tgcgtttcct gcttatcctg ctgctcttcg tggcgtgct1740
cctctactct ttgccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgtaacaaag1800
gcaaaggctt catttcaaga gtcattccagc aatgagagaa tccctgcctc gtagaccaac1860
atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga1920
gccccattga ttcccagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc1980
atcatgttat ctcttaagta ttaaaagttt tattttctaa agtttaaatc atgtttttca2040
aaatatTTTT caagggtggt ggttccattt aaaaatcatc tttttatatg tgtcttcggt2100
tctagacttc agcttttga aattgctaaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt2160
gatatacttc atatttgtaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaatc agttagaata2220
gttagaacia ttcttattta tgcccacaac cattgtctata ttttgatgg atgtcataaa2280
agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaatgtt tcacctttaa aac 2333

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1377 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

cattactgtt atagagaaa cattttagta atttaataaa aggataatgt ttatttataaa 60
aacctgactt ttccagagta attttgtttt gcacattcat gtttattgaa gtggactaat 120
ttctataatg caaatcagag ttaaatatta aaaattgtgt aaatacaatt gacataggaa 180
ttacattaaa atattaggaa gaaacaagga caaatttaga ccttgaatcc gaagagataa 240
agcttacttg actttcaaat ggagagatga tgaaaaccca ctcattcagt ctttcagaac 300
aaaaagacag tcacttgata agagtatgac atggatgaaa tgccctacag gggccttgga 360
catctttaat ttctgcgatt atgtgaaaga ggtggacttt acagataatg gagcagaagc 420
caacattagt aaaaggaatc ccaacttctt cccatagaat tagaaacatg tgaaagtaca 480
ataaacttct tgttcaaat accagcatca gagagcttcc catttgcatc tagaccttga 540
atttataatt attgatcaag ttctaatttg tatgtatatt ttgtgcatat tcaccaataa 600
cagttaaaat taattatgtg ttatagttaa tatatgcacc taccttcttc cgtagtgca 660
tcagtaaatg tgttattttg tcatttttcc aaagagagtg ttgtagggtt tccctgtagt 720
tcttctttaa tagcttttct tctgataacc atgacttcag gagctttaa actatctatc 780
ttgcatttgt gcttggcgga gaactagcca tcagcctcct gaagcctgcc atcattgtta 840
atttgaggag tgggctgtct tggggtcag aaggtaaaaga actatttgag cagatgtgtg 900
tgggtggcac tggattccac ccaactgcca agttagtatt gttagagatt tcattttaca 960

```

DE 198 18 620 A 1

acacaaaaat aagcctgtgt caaagatttt aaaatcatgg aaagttataa tctagaaga1020
ccttagagaa ccagccaacc aactctctca ttttaaaagt gaaggattca tagcacagat1080
tacttgccct agatcatcca ggaacgaaga caagaatcca aatgtacttg gggacaaga1140
5 ttagtcccca aattcagtggt tcttcctagt attaaacatt gcccctttcg acaaattttg1200
gatttcaatc ttggatatatt tcagtaaacc tgctgattta ttaggttact gggtagatga1260
cattagaatg tagatagcgt gcacgctatg atagactctg ctaagacatg ttcccagtg1320
ccagcagcaa tgtagatatg tgtgacagtg gtcattgtaga agttataaag cagagta 1377

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

ataaggaatg agaagaaagg ctgtgtctta tcagtaggtg agatggaact ggtcctggta 60
gtgttgaggc aggacaggca cttagtcttg atgctgtggt cttttgtgat agtagagcac120
cgggggttaac caccactcct ttaggctact tgtagtgaca acagaagtaa aatatttca180
45 ttatttaatt tagaatgtta tgttttactg gaacctgcaa tatgcatgta cagaattaat240
aatttttact cttttggtca agttatacta aggcaaagcc agtggattca aaagtgagac300
attgacaggc cattt 315

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2355 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

atgatcatgc cactgcactc catcctgggt gacagcaaga tcttgtaaaa aaaaaaaaaa 60
 aaaaaaccag gagtgaaaaa ggaaagtaga aggcagctgc tggcctagat gttggtttgg 120
 gaattattag tgatcctgtt gagattctgg atccagagca atttcttttag cttttgactt 180
 tgccaaagtg tagatagcct ttatccagca gtattttaag tggggaatgc aacgtgaggc 240
 caactgaaca attccccccg tggctgcccc gatagtcaca gtcaaggttg gagagtctcc 300
 ttccagccag tgacctaccc aaaccttttg ttctgtaaaa ctgctctgga aataccggga 360
 agccccagtt tctcacgtgg tttctagctt cttcagactc agcccaaatt aggaagtgc 420
 gaagcacatg atggtgaaaa acctaggatt tggcagcctt ccagaatggg atggaatctg 480
 agggaaagatt tatgtttcgt tttggaggat agctcaagtt gaattttctt tccagccagt 540
 taccctttca acctaccat actttgtaca actcttacac aaatacttag atatttatta 600
 gatagccctg aattcactct aattataaac agggagtgtg aactgcccc agatgttcct 660
 gggctgggta aaagcagctg gagtgaagca ctcatcttcc ataaaggtaa caaagggcag 720
 ctcaagtgggt actcaagctc aaaagggttt ttttaagagc aagcattggg taagtctgtg 780
 tatactgagt tggaaagtgt ttcagcacat tcttttttag tggagtgaag gttctgaagc 840
 ccccttttaa cttcctcttg gtttttcatt ataattggta gccatctcat gaactgtctc 900
 tgactgttgt ctctttgtgg tcatgtgatt gtgagcttgc tttctgactt gcatttctga 960
 ctttctcctg ttgttaggaa gatagaaact aggttttgaa agattacatg attcaagcga 1020
 gggattttta agtaaaagatg tattttattct gaagaatcta aaagataaca gattatttgc 1080
 ttatgaaaaga acaatatagt ctgggaatcc cagaatgtca agccaaagg ctaagaagtc 1140
 atctccttca aatactttta taaagaagta tttcgaggag atatctgtcc aaaaagggtt 1200
 gactggcctc cagattccag ttatttttaa aaagcaact accactaaat ccttgagtct 1260
 ccataagagta acagtaaaaga aactgatgta acagactctc ctctcaaagg atctcctctg 1320
 gaagagacta tcagcggcag cattctccag ggaagaccca tcccctagtg ccagagcttg 1380
 catcctggag actaaagatt gcactttttt gtatgttttt gtccaaatgc aatcccattt 1440
 ctgtgacctt tagcatgcag tttagatttg acaaaacaaga ttccaaagga atgactttat 1500
 taactataat atggttacag ctattatata aatatatatt ctggttatag ttctaatatg 1560
 gagatgttgt gtgcaatgct ggcctgtggt ggtctgtgta atgctttaac ttgtatggag 1620
 gaggccaggc tcagagctga gatgtggcct gaaccttccc tgtatcgatc ctttaattal 1680
 gaactgtcaa gatgtcactt tctcccctc tgcccttttag tggatatga catatactca 1740
 aaacagtaat ttctgtgtca catcattaac tgctaattct gtatttataa agaattttca 1800
 gatggacatg tacaaatttg aactcaaac atcccagtc cagatacagg gcagcgtgta 1860
 ggtgaccaca ccagagcctc agcctcggtc cttctcagcc gtccgggatag gatccaggca 1920
 tttcttttaa atctcagagg tagcagtaaa cttttcagta ttgctgttag caagtgtgtg 1980
 tttgccaata gataccatt atactaatgt gccaaagtaa tgttcattgc acatctgctt 2040
 ccactgtgtt cccacgggtg ccatgaagtg tgtgaggagc ccctcatctg gagggatgag 2100
 tgtgctgttg actactgcta tcaggattgt gttgtgtgga atattcatct acataaattt 2160
 tatatgcaca gtaatttccc tttttatatg tcaagtaact atttgtaaaa gttatactca 2220
 caaattatta taatgattac taatatattt ttccatgtt tcattgcctg aataaaaaact 2280
 gtttaccact gtttaaaaaa aaaaagttaa aaggaggagg tgggaaaaaa aagctggggg 2340
 gggggcccg tagcc 2355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1339 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

```

25 attcggcacg agcatgaaac atgctcattt. tacctaacag taaacaagta tgttttgata 60
   gatatctgtt aatatgctta tagtggttaag aaatggactt gaggtcccag gagatttcat 120
   tttattccacc ctggtcagat acaataaagg ctatgagtat aaatacataa cttcctaacc 180
   aggtgtaggg catgttcatg aatatcaaat cttttgatgc tggacccaag agaggaaaag 240
30 ttgtagctaa atgttgattt acttataact agacgtctat gtgagaaaat atatgtatac 300
   atatatatga tatgcagaag tcactttttt taccaggctt tattctcctt acaaagccac 360
   agtttaactg tctgcaacag ttggtttatg ttaatgatag acaaataccc agtggttgtt 420
   actttttcca actaccactg taatgataat ctttctcacg tatatacatg caacttcttg 480
   gcttcaattc catgaagctg ttccaatata ttcagtatac tttgtcctta atgctgcttc 540
35 tgttaacagt gatctctttc tttttttcat tcttatatct tcattagttc atcataaatc 600
   tgtccagttg aggcctcagg accacggcat gatttcatga ctccgaagta ttttacagaa 660
   acatttttta aataaggga atattttata taccagatgg ttcacaagtg atggctcata 720
   gctagttttt ttttttcttc taaaaaatgt cagggtttta aaatcattta ctttattaaa 780
   atgaaaagtg ccatacttaa cttttaaagg aaagacctga cttgcttttt ctctatttag 840
40 actgtttttg tactttacta atctttaaac tatcaggaaa aaaacccaaa ctttatacca 900
   atgatttagt aattttgagg catagggtag cttacgtagt ggaggatgtg ccaaattatc 960
   tcttcaaagtg ccaccttctc aattttataac taaaatagtg ttatctgact aattcctctg1020
   aattttgatg taagatctat ataggccccc aaaatgatcg tagtacatgc cagtcatttc1080
   tcagtgaagt aaatacaata ccagagtaca ttatgggttt tattgctttc ttttatggta1140
45 gacctgttaa tggggaaaaa atacatcaaa tcaaatagaa tcttatatct gtatgttaaa1200
   atagagcact tacctgaagt cagtggcctg gatcatagcc ctggatcatt tcccagtcctg1260
   tcctgtgctg ggtggacctt ggacaaggcg ctgcagtagg tgatggctga gagcccttcc1320
   ctgttcccaa gtgccttgt                                     1339

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3751 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```

gatcgcgagc ggccttttga atctattgcg caaaagaagt ttcatttttg ttacttagac 60
ctaagatcac ttattaaaaa tccttatttt ctccaagccc agcaaacggt gacttctggg 120
caaacctgaa aacctgaaaa tgccactttc atgcagtttg tttgaagtta agtggaaatcc 180
tttcaaatga cgagctgcag agaactcagc accaagggct gcctatctgt agatagctgt 240
aaaatggaat attttttaaat gaaggcaaat aagtacttaa aagtgaagctg agcaataaaa 300
tggtccaata ataggtaaat gcaacagaaa cagaaggaga cctgggtgcc ttatgccttt 360
actcttacat ggaataaatt cccaatgcat atcctatgta aaccataagt gaagggaaat 420
aaacctcgtc atgtccatg ctgtgaggtg tcctttggat attctgtgat gacagagaag 480
cctattttgt tttgttttca gcatctttct ctgatgtacg tttttaagga ttttgtaaga 540
gctgttttca gtgttttaaat tagtgctatt tttccttggt tttaaaaatg aatctcgtac 600
tgtatcttac tatgtccata cagatgttac aaatcgacag ttttattctt agactcatgt 660
gatccaagct gtatatacca tatataaaca ttttcatgta atcatttagt tttttaattc 720
atttactaat gctataaaat ttcctatatt accccagtaa tttgcatcag ctgggtttata 780
tactaaagca acatgttttg atgagtttct tacatcctta tcgaggaatt ggggttaggaa 840
aaaatacata attgtaaaac tgagtttgct gtattatact tttttcttg agtattagtt 900
gtattactaa tcatatgttg attaactgtc tacttaaagt caaggtacct gtatttttaa 960
tccactaat tttttttg tgggaaatag atttcaggtc ttttattaga ctaacatttt1020
ttgagaagta aatttgact catatacaaa gcctgtaatt ttaggcgaaa tgggaagcaga1080
aatctaggaa gtgtgtcttg ctgtatgtt gagtttggtc tcagactaag taatgcatcal140
gaattcatct ttttgaagcc tgaataaatt taggactctg attcactgac caaaagtcag1200
tggtgcagaa atttctctac ccgtatggt attttggttag attgttcaac aggaagcaca1260
tgattgagaa catcttgga cagacaaaaa ccaactgacag atggcaaggc toggcgattc1320
tgatttccct tctcaaatct gctcaactcc aagagtcttg agaaactgct aaaattttgc1380
ctctgcaact caagtcttac aaatgtttatc ttgtaaacct ttgaggtgaa ctattccact1440
gtcttgtaaa taggcatctt attcactgca ccctgtcaca ccagcacccc cccgccccgc1500
acattatttg aaagactggg aatttaattg ttagggacag taaatctact tctttttcca1560
gggagactct tccctctaa agttaaaagtc aatacaagaa aactgtctat ttttagccta1620
aagtaadaggc tgtgaagaaa attcatttta cattgggtag acagtaaaaa acaagtaaaa1680
taacttgaca tgagcacctt tagatccctt cccctccatg ggccttgggc cacagaatga1740
acctttgagg cctgtaaaag ggattgtaat ttctataag ctgtaaatag ggaggtattg1800
tgggttcatt tgagtaagcc ctccaagat accattcaaa taacctggga gaatgtcata1860
aattattcag ataattaaca ctgcatgaat ctgattcaga ggcatgcatt tacatatggt1920
gcctaatta ccatttgatg atcataaata caagtgaatg acattggact tttagtaaca1980
aacttaattt ttaaaaaggt gtagacaatg gtggttaaaa aaaaaaaaaa aacagggtacc2040
aggttctgtc tgtttgcacc aagtaattga catgtttttt gtttaataca tgtggaccat2100
gaacagtatt cattctactt tttcaaatga tatgctgtag aaaatattcc ttgaagatgt2160
gagatttaaa aatttttccc tttcaatggt gttttaattg tatttcttac ttggtttttt2220
tgattgatac cacagtgata aatcataata ctagacaaaa ttgtcttctc tttcaaacca2280
gagccataaa tatgtctgta tatatgggac ctactgcttc tctgaggaaa tgcataatct2340
gttaatatca gacaaaatga gcaattggca gtgctcataa tatattccaa tttttattgg2400
aattttcgat ggaatgttat ttcaataaag ccattgaagg tgaaactttg ataacttttt2460
actcttcaag ttagggtaaa ttctgatcca atattcaatt catttgtgta ctcccacatg2520
caaaatgcta aattacaatg cagacattaa gaaaaagtat tgactggagg ggttgaattc2580
cttgagaatt tattttatag tctaaatcac aaatacttta ctcaatttag tttttaaaat2640
agtaaaactga atatttttgt tgtaagccta tcagagtcaa tccttcggtt ggaattgttt2700
tcctgttttt ccttactata aatcatttaa aaactgaatt cattttctta gatggcataa2760
gtctgtctct tgagaaataa gtaaaatact cctattttca gtatctgtag cacctgaaat2820
aggctcttgt atagccagaa acaagttatg ttgaagtttag cttttctttg tcaacagttt2880
tggacaataa aaatctgaaa gtattaacac ttgattttct actggggccc ttcaaacttg2940
gttggaagaa attcaaccag aatatctaca ttagagtata atcatgtgtg gtaggaagat3000

```

DE 198 18 620 A 1

```

ggactagtta atcaagattt gttgtcactt aaattttttg tgattttttt ccaagccagt 3060
ttttttaaat tctaaatgtg ttttgaggta tgggtacatt cattgtaatg taaactat* a3120
tacaactgtt tttgcgactt tataggcagg taaattttgc tattactatt gaatacaaat 3180
gacaattcat ttatgaccac tcaaacagcg ttagtaacca tttagtgaac aaggattaaa 3240
acatccatct ggatgttaat tttgaagatg taaattatat gttgtttaaa tttttccagg 3300
catctgaaaa ccttatctgc tagacaatgt aagattcaca cagagttatc tgggattctg 3360
attttttaaa tagtacatat cattaaacca ttttctctaa atgtaagaag agcagaaaaa 3420
atcttataag attatcagat ttttctaata acacagaaat gtaagaaaaa aatcccttta 3480
tattgaaaaa agatgcagtc aaagtctttt cagacatgcc caaactttga gaatttcttc 3540
aaccatctaa tgctataaag attttttgtt ttctgtttca caaccagttg tataacagaa 3600
atactagcta ctgttttctt tctgtgtgtg gaagtaatga atcattgatt atgtgacttg 3660
ttatgtattc aattaaacac taaagaataa aacattcact cctttaatta ataaaaaaaa 3720
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
3751

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 300 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```

cgctcggccc ccggcgagag atcgaggtgt acttggccaa gagtctggcg gaaaagctgt 60
atctatgtca gtaccctgtg cgtccagcct cgatgaccta cgatgacatt ccgcacctct 120
cagccaagat caagcccaag cagcagaagg tagagcttga gatggccatc gacaccctga 180
acccaacta ttgccgcagc aaaggggagc agattgcgct gaacgtggac ggggcctgcg 240
ccgacgagac cagcacgtat tcttcgaagc tgatggacaa gcagaccttc tgctcttccc 300

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1465 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

gccaaccttc cctccccaa ccctggggcc gccccagggt tcctgcgac tgcctgttcc 60
 tcctgggtgt cactggcagc cctgtccttc cttagaggac tggaaacctaa ttctcctgag 120
 gctgagggag ggtggagggt ctcaaggcaa cgctggcccc acgacggagt gccaggagca 180
 ctaacagtac ccttagcttg ctttcctcct ccctcctttt tattttcaag ttctttttta 240
 ttctccttgc cgtacaaccc ttcttccttc ctgcaccact gcccgtagcc ttaccgcccc 300
 cgccacctcc ttgtacctcc actccttgaac ccacagctgt tggcagggtc cccagctcat 360
 gccagcctca tctcctttct tgctagcccc caaagggcct ccaggcaaca tggggggccc 420
 agtcagagag ccggcactct cagttgcctt ctggttgagt tggggggcag ctctgggggc 480
 cgtggcttgt gccatggctc tgctgacca acaaacagag ctgcagagcc tcaggagaga 540
 ggtgagccgg ctgcaggga caggaggccc ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 600
 gagtctcccc gagcagagtt ccgatgcctt ggaagcctgg gagagtgggg agagatcccc 660
 gaaaaggaga gcagtgtctc cccaaaaaca gaagaagcag cactctgtcc tgcacctggg 720
 tcccattaac gccacctcca aggatgactc cgatgtgaca gaggtgatgt ggcaaccagc 780
 tcttaggcgt gggagaggcc tacaggccca aggatatggt gtccgaatcc aggatgctgg 840
 agtttatctg ctgtatagcc aggtcctgtt tcaagacgtg actttacca tgggtcaggt 900
 ggtgtctcga gaaggccaag gaaggcagga gactctatcc cgatgtataa gaagtatgcc 960
 ctcccaccgc gaccgggcct acaacagctg ctatagcgca ggtgtcttcc atttacacca1020
 aggggatatt ctgagtgtca taattccccg ggcaagggcg aaacttaacc tctctccaca1080
 tggaaacctc ctggggtttg tgaaactgtg attgtgttat aaaaagtggc tcccagcttg1140
 gaagaccagg gtgggtacat actggagaca gccaaagagt gattatataa aggagagggg1200
 atgtgcagga acagaggcgt cttcctgggt ttggctcccc gttcctcact ttcccttttt1260
 cattcccacc ccctagactt tgattttacg gatattctgc ttctgttccc catggagctc1320
 cgaattcttg cgtgtgtgta gatgaggggc gggggacggg cgccaggcat tggtcagacc1380
 tggtcggggc ccactggaag catccagaac agcaccacca tctaacggcc gctcgaggga1440
 agcaccgcgc ggtttgggcg aagtc 1465

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1488 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

cggccggagg agcaggatgg agatccctgt gcctgtgcag ccgtcttggc tgcgccgcgc 60
ctcggccccc ttgcccggac ttccggcgcc cggacgcctc ttgaccagc gcttcggcga 120
ggggctgctg gaggccgagc tggctgcgct ctgccccacc acgtcgcgcc cctactacct 180
gcgcgcaccc agcgtggcgc tgcccggtgg ccaggtgccg acggaccgcc gccacttttc 240
ggtgctgcta gacgtgaagc acttctcgcc ggaggaaatt gctgtcaagg tggtaggcga 300
acacgtggag gtgcacgcgc gccacgagga gcgccggat gagcacggat tcgtcgcgcg 360
cgagtccac cgtcgctacc gcctgccgcc tggcgtggat ccggctgccg tgacgtccgc 420
gctgtccccg gagggcgtec tgtccatcca ggccgacca gcgtcggccc aggccccacc 480
gccagccgca gccaaagtag agggggctgg gccgcgcccg caccgccgga gcctcctcag 540
gctccctcta ttaaagccga tctgactccg ccagccaga tgtcccgagt gcgccaagga 600
ctgtcctctc acccactcct ggattctgcc ctgacctcca tcctggacac tgccttgata 660
acatagaccc ttccactgac accctcgctc tcagagcccc tccagctttc cgacccccaca 720
ccgacaactc ccgggcttcc agaccctacc agcactacc taacctcag ccgacagtct 780
cagccccacc gaccactttt cttggcatat agccccactt aagaccctc ctctacttcc 840
ttctgagtc tctacaaaga catccgggta ctacatttcc atcccttccc tattttgaca 900
ccaaattatg gtgtagacag ccctggccca accccaggcc agtcaggcac aatcccccca 960
ccccccaaac gtcttgact gcacagacct cccactccag accatccagg cctgggttccc1020
aagaccgat ccttccctg caaccagaca gtctacaact gccccctcca gcccattttc1080
tgccgtgaca ccccgccag ccacaccaga ctctggaacc ctttttcgac tgccccaaact1140
cttggaacac aggcgaacta gaacacccaa caccaaaactg tacagactct cccacccccaa1200
cctccccaga ctctgacagg atgtcctagg cccctcccc aactctaacc agaccccatc1260
cccctaagtc ccttgcctt gacccccaaag tcttcaacca gatatcctcg gcaaccaccc1320
tccccacctc cctctctct ccttcaagac ccaactgagc acccgctctg attccccaca1380
gcctttctcc ctgcaccac tcccttagtc ttcccaggc ttactctccc aataaatgtg1440
ctagagctct gccaaaaaaa agaaaaaaa gtcgacgcgg ccggaatt 1488

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 783 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

aacatattgt tgaaaggtaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggagga aaaaaaaaaa 60
 aaagaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaaat gttggtcatt ttatgttaag120
 ggaagaattc cagggtatgg ccatggagtg tacaagtatg tgggcagatt ttcagcaaac180
 tcttttcca ctgtttaagg agttagtggg ttactgccat tcacttcata atccagtagg240
 atccagtgat ccttacaagt tagaaaacat aatcttctgc ctctcatga tccaactaat300
 gccttactct tcttgaaatt ttaacctatg atattttctg tgccctgaata ttgttatgt360
 agataacaag acctcagtg cttcctgttt ttcacatttt ctttttcaaa tagggtctaa420
 ctcagcaact cgcttttaggt cagcagcctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac480
 ctagtgttcc atgctgtgtt ctgactctga gctacagagt ctggtgaagc tcacttctgg540
 gcttcatctg gcaacatctt tatccgtagt gggtaggtt gacactagcc caatgaaatg600
 aattaaagtg gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcctgg aagccagctt660
 tccctgcctc tcatcaactg aatgaggtca gcatgtctat tcagcttctg ttatttttca720
 agaataatca cgcttttctg aatccaaact aatccatcac cgggggtggg ttttaagtgg780
 gct 783

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

tctgtttctgt ggacaactgt tactgttctt cgtgggcaa ccatggcggc caccagccct 60
 acccccgtc cgccacttt ccctggacag tgccctcgca ggagtactca caccogctcc 120
 cgccacacc ctccgtccc cagtccctc ccagcctggc ggtcagagac tggcttgacg 180
 cctcccagca gccgggccac caggattct acaggggtga tgggcagccg tccaccaaac 240
 actacgtgac gagctaacgc cagcaggcg gcggggcgct ggggaatctt cctccccagc 300
 ccccgggctc gggagttatg catccagaga cctgccctc taccttctc gcctccccctc 360
 ttctcattc cattgccca ggtcttttcc ttttggattt tgttttggtt ttgctttgt 420
 ttttgatttt tttttattat gaatctctg gacgcagagg tgacagtggg agctggcctg 480
 ggccaggacg gcaggtggcc ctggagatgg gaaagtgtct gtgtcgaggc gctgagctct 540
 ctctctgttt ctctttttt cctctactcc ttccccttca caccocctg gctggaagga 600
 acctcggtt cctgaaagc ttgggggtcc cacccttctt accccaccg ggaggaacgc 660

DE 198 18 620 A 1

```
ccagggcccc gggcttgttt ctctcttctgt tttctttttg ggcagttcga tcaatgatcg 720
agtaaggaat gaccttttaga ttgtgcgact ttgtttttt ctttttttaa ttttttttaa 780
ccaagaatga tttctcctgc ttcttctctc tcaccatctt cccagacgga gttcaaaggc 840
cactttctcaa gcagctttttg gcaccttcag cctcagagt gaatctttta aagacaggac 900
ccctatgtcc aggaaagggg aaaagggaact ttgccaatga tagtgaccac agcaaaagca 960
aataataata atattaataa taataaaaaga gaaaaaaaaa aatagaataa aaaaccaata 1020
gcacagcccc ttgttgaagg tccag 1045
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1386 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

```
cacactcact gccatgaag gaagagggg caagtgtacc gaggaagggg atgcctcaca 60
gcaagagggc tgcaccttag gttctgaccc catctgcctc agtgagagcc aggtttctga 120
ggaacaagaa gagatgggag ggcaaaagcag cgcggccag gccacggcca gtgtgaatgc 180
agaggagatc aaggtagccc gtattcatga gtgtcagtgg gtggtggagg atgctccaaa 240
cccgatgtc ctgctgtcac acaaaatga cgtgaaggag ggagaagggtg gtcaggagag 300
tttcccagag ctgccctcag aggagtgaag gggacaattt ggctgaagtc tttctctgaa 360
aaaagccaaa gggttatagg ggtacactta ggggttgcat gcaagctgtt accaaaaaat 420
ttttaagtat tttcttaatt tgaataataa aaccagagga aatgcataca gggcatgagc 480
aactgaggca aacctttgtg gacatgaatt gttctacgat gaatttttgc tttagtattt 540
taataagaat tacaaagaca atggcatact tggggtgaga gggagctgag gatgtctgag 600
gagggaaatag tattgcaggg aagactgaga aaacagtagg atgacagttt tgagtatact 660
ctgcactttt caattgtgca atcttcttgt gcactttaag gctttttaat tttgtttgag 720
aatgcaaatg tatactgtaa gtctaccttt actatctact atgcctactt caccatctct 780
taaggactcg gcattttgtc acagtacagc tgcaagagag ggtaggtcat gaacagtcac 840
ccgtgctggc tgtagcccc acagaggcaa tcatgcccaa tagattcaag agaagctaag 900
cggaaatgga ggggtggaagg tgtgatctgt gggactgtct gggcctgtta ctcatcctgc 960
tatcaatttc ttattaatta atcttgatga ttcttattaa ttaatcacat ttgcaggaaa 1020
ttcagatgag gcaagaaaat tttattggcc tgggtaagac tgaaagcatt ccaaatagg 1080
cttagactgt gcaaagggtc tagctaagtt atcgagctta aaaccggtca attaaacaaa 1140
cattatttga acagttactg catgccacgc actgtgttgg gcttagtaat aaaaaaaga 1200
aaagataagt gcttgtttcta gcataaataa aaaggtccaa gggaatttaa tctggaagag 1260
aacatatgcc aattttttaa ctatgacagc ttttttttcc tctttccatt caaataggcc 1320
cgggttcagt ccagaaaggg cacaatatga atgaataaat aaataaatga ataaagaca 1380
aaaaaa 1386
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1747 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

```

ccagtctgtg agcccttgtc ctgtgggtcc ccaccgtctg tcgccaatgc agtggcaact 60
ggagaggcac acacctatga aagtgaagtg aaactcagat gtctggaagg ttatacgatg 120
gatacagata cagatacatt cacctgtcag aaagatgggc gctgggtccc tgagagaatc 180
tcctgcagtc ctaaaaaatg tcctctcccg gaaaacataa cacatatact tgttcattggg 240
gacgatttca gtgtgaatag gcaagtttct gtgtcatgtg cagaagggtg tacctttgag 300
ggagtttaaca tatcagtatg tcagcttgat ggaacctggg agccaccatt ctccgatgaa 360
tcctgcagtc cagtttcttg tgggaaacct gaaaagtcag aacatggatt tgtggttggc 420
agtaaatata cctttgaaag cacaattatt tatcagtgtg agcctggcta tgaactagag 480
gggaacaggg aacgtgtctg ccaggagaac agacagtggg gtggaggggg ggcaatatgc 540
aaagagacca ggtgtgaaac tccacttgaa tttctcaatg ggaaagctga cattgaaaac 600
aggacgactg gacccaacgt ggtatatcc tgcaacagag gctacagtct tgaagggcc 660
tctgaggcac actgcacaga aaatggaacc tggagccacc cagtcctct ctgcaaacca 720
aatccatgcc ctgttcttt tgtgattccc gagaatgctc tgctgtctga aaaggagttt 780
tatgttgatc agaattgtgc catcaaatgt agggagggtt ttctgtctga gggccacggc 840
atcattacct gcaaccccga cgagacgtgg acacagacaa gcgccaaatg tgaaaaaatc 900
tcattgtgtc caccagctca cgtagaaaat gcaattgctc gaggcgtaca ttatcaatat 960
ggagacatga tcacctactc atgttacagt ggatacatgt tggagggttt cctgaggagt 1020
gtttgtttag aaaatggaac atggacatca cctcctattt gcagagctgt ctgtcgattt 1080
ccatgtcaga atgggggcat ctgccaacgc ccaaagctgt gttcctgtcc agagggctgg 1140
atggggcgcc tctgtgaaga accaatctgc attcttcct gtctgaacgg aggtcgctgt 1200
gtggccctt accagtgtga ctgcccgcct ggctggacgg ggtctcgctg tcatacagct 1260
gtttgccagt ctccctgctt aaatggtgga aaatgtgtaa gaccaaaccg atgtcactgt 1320
ctttcttctt ggacgggaca taactgttcc aggaaaagga ggactgggtt ttaaccactg 1380
cacgaccatc tggctctccc aaaagcagga tcatctctcc tcggtagtgc ctgggcatac 1440
tggaacttat gcaaagaaag tccaacatgg tgctgggtct tgtttagtaa acttgttact 1500
tggggttact ttttttattt tgtgatatat tttgttattc cttgtgacat actttcttac 1560
atgtttccat ttttaaatat gctgtattt tctatataaa aattatatta aatagatgct 1620
gctctacct caaaaaatgt acatattctg ctgtctattg ggaaagtcc tggtagacat 1680
ttttattcag ttacttaaaa tgatttttcc attaaagtat attttgctac taaataaaaa 1740
aaaccgc

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1526 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

cgagcccaca ggccccggag tagcagcggg gagggccggga gcccgcgggc cggagccggc 60
cggccgaggc gtgggggctg cggggccggc ccatccgttg gggcgacttg agcgttgagg 120
gcgcgcgggg aggcgagcca ccatgttcag ccagcagcag cagcagcagc tccagcaaca 180
gcagcagcag ctccagcagt tacagcagca gcagctccag cagcagcaat tgcagcagca 240
gcagttactg cagctccagc agctgctcca gcagtcccca ccacaggccc gttgccatgg 300
tgtcagcggg ggtccccgcg agcagccaca gcagccgctt ctgaatctcc agggcaccaa 360
ctcagcctcc ctctcaaacg gctccatgag gcagagagct ttgcttttac agcagttgca 420
aggactggac cagtttgcaa tgccaccagc cacgtatgac actgccggtc tcaccatgcc 480
cacagcaaca ctgggtaacc tccgaggcta tggcatggca tccccaggcc tcgcagcccc 540
cagcctcaca cccccacaac tggccactcc aaatttgcaa cagttctttc cccaggccac 600
tcgccagtcc ttgctgggac ctctctctgt tgggggtcccc atgaaccctt cccagttcaa 660
cctttcagga cggaaccccc agaaacaggc ccggacctcc tcctctacca cccccaatcg 720
aaaggattct tcttctcaga caatgcctgt ggaagacaag tcagaccccc cagaggggtc 780
tgaggaagcc gcagagcccc ggatggacac accagaagac caagatttac cgccctgccc 840
agaggacatc gccaaggaaa aacgcactcc agcacctgag cctgagcctt gtgaggcgtc 900
cgagctgcca gcaaagagat tgaggagctc agaagagccc acagagaagg aacctccagg 960
gcagttacag gtgaaggccc agccgcaggc cggtatgacag taccgaaaca gacacagaca 1020
ccagacctgc tgcctgaggg cctggaagcc caagtgtgtc cagcattcca gccacgggtc 1080
ctgcaggtcc agggcccagg gcagtcacag actcagccgc ggataccatc cacagacacc 1140
caggtgcagc caaagctgca gaagcaggcg caaacacaga cctctccaga gcacttagtg 1200
ctgcaacaga agcaggtgca gccacagctg cagcaggagg cagagccaca gaagcaggtg 1260
cagccacagg tacagccaca ggcacattca cagggcccaa ggcaggtgca gctgcagcag 1320
gaggcagagc cgctgaagca ggtgcagcca caggtgcagc cccaggcaca ttccacagcc 1380
cccagggcag gtgcagctgc agctgaggaa gcaggtccag acacagactt ttccacaggt 1440
gcacacacag ggcacagcca agcttccagg cacagggagc ttcttccggg cgcgggtgtt 1500
agtttcaggc caccaggggc agggcc
1526

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1205 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

25

```

cccgagaaaa accaatttaa tgcttctgtt ctcagcattt cacagcatgc aggactcaaa 60
tggatacaac agaagaaaaa aaccacacaat ttttggaaaa ccctttgtcc aatgattcat 120
atattgatat ctattgacaa tcccttagaa ctttaaattct caaaaacaaa aaagtactgt 180
ggatctccct cgagccgaat tcggctcgag ggcggtcacc tggagatgag aaaggcccgc 240
gggggggacc atgtgctgt gtccacgag cagccgagag ggggggagga cgctgctgcc 300
caggagccca ggcagaggcc agagccagag ctggggctca aacgagctgt cccggggggc 360
cagaggcccg acaatgccaa gcccaaccgg gacctgaaac tgcaggctgg ctccgacctc 420
cggaggcgac ggcgggacct tggccctcat gcagagggtc agctggcccc gagggatggg 480
gtcatcattg gccttaaccc cctgcctgat gtccagggtga acgacctccg tggcgccctg 540
gatgccacgc tccgccaggc tgcgggggga gctctgcagg tgggtccacag ccggcagctt 600
agacaggcgc ctgggcctcc agaggagtcc tagcacctgc tggccatgag ggccacgcca 660
gccactgccc tcctcggeca gcagcaggtc tgtctcagcc gcatccagc caaactctgg 720
aggtcacact cgctctctcc cagggtttca tgtctgaggc cctcaccaag tgtgagtac 780
agtataaaag attcactgtg gcacgtgttc cagaatgttc ttgctgtcgt tctgttgacg 840
ctcttagtct gaggtcctct gacctctaga ctctgagctc actccagcct gtgaggagaa 900
acggcctccg ctgcgagctg gctggtgcac tcccaggctc aggtctggga gctgctgcgt 960
ctgtggtcag gcctcctgct cctgccaggg agcacgcgtg gtcttcgggt tgagctcggc 1020
cgtgcgtgga ggtgcgcatg gctgctcatg gtcccaacac aggtactgt gagagccagc 1080
atccaacccc acgcttgacg tgactcagaa tgataattat tatgactgtt tatcgatgct 1140
tcccacagtg tggtagaaa tcttgaataa acacttttgc cttcaaaaaa aaaaaaaaaa 1200
aaaaa

```

50

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 3968 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

15  ggtattttcta aaacataaag aggagaatta agtcagctgc agaacaatgg ggctgattct 60
    tctgcttttt ctctggaaaa tcttttcattg ctttttggtgg aaattttacct agagggttaca 120
    accacaggat gtagcttgggt ctcttattttg cctttttggg aaaccaatta agattaatac 180
    aggataaagg aaaaaagcaa tctatttcatt atataacaca gttgttttgta ttacttgttc 240
20  cctgcaaagg aaatctgttg aatgcttgca ttttgaattc ttttctaata gaacaaccaa 300
    aaaaggcttc ttatggtgca gcaggaaaaa agatcatttt tatagctttg cattcttaac 360
    atagcattta aagagcgcca tgaattagag gaaagacatg gaacacacag gtagtcggtt 420
    tgagatcacc ggcttaaaag tatcctagga tggtaatgac ccagaagtat ttccagttgt 480
    ctagtgggtg ggtatgcagg aatgagaagt gttttcttct catttctctgt tggacagggtg 540
25  gcaatcttag cagagccact atttggagtt gataactaaa gatgcaaata acatgactat 600
    gccttctggg catcctagga ctatttggag ttctccaaaa ccttgtaaga ggcatgtcag 660
    gcatgcagta aaagcatcta caacttcagc tgggcactgg cagcataggt ctcatcttgg 720
    accatacagt cccactttat agaagagggt ggaagttctc caaaacaata tccacaacaa 780
    agtctgacct cactctgagg gagatgggaa gtgggaggaa gaaggactaa ccagctccct 840
30  ggagtaagag gaatttgcct tccctgtctg cccaccaggg gctatatgtg ccacctttca 900
    gggtggggcc aaggaaagtga tgtcagtggt acagaaggga gagtttagacc tccagacgtc 960
    agcctccctc ccatggggta cattttcaat ctgagtggtg ttgccttagc tgtgttggta 1020
    ttagcttgat tggttggctc gctggttatg aggtgtaggg aggcagtttt tgttttagttt 1080
    ttaggacttt gcctcttctt ttgtccttag cataaatttct aggcagagca tccacgaagt 1140
35  cggttttcat tgccagctca agagcgacaa tcatttacga gttcctatgt tatgttaggt 1200
    gccttatgta tattatccca aatccactgc atggtttaaa tacaggcact ggaatataaa 1260
    tgaaaaaggt cattacagtc actgactttc tgcaggacct taaacatttc tctttccaca 1320
    agtttccctt taatcatgtg tcaaacctct ctctctgacg ggaatgttgt gctataatga 1380
    atctgcataa cgcttgggat tctagaggga aggaagggtc catggacatg taagtacagc 1440
40  atattccctc cagtcttcta ggagggcaga gtgaatccca gaactggtta gattgggaat 1500
    ctgagcattg ccactttaat cttagaatat ttatcatttt gacacatcct gttttttaga 1560
    gagggaaaaca aacacagttt ctgcattggt agtgtaaagc ataccttgtt aggaacgtgt 1620
    tttgtaagac acatttgggt tgtcattcta gagcatgtca aactttgtac ttcaaaatat 1680
    atttagtagt attgttagtg gtaacatata tcaaggcttt gaattaaactg ttttatttaa 1740
45  ttttcacaag aagcacttat tttagccata gcaaaaccaa tctgagctac aaatagttct 1800
    ttaaaataag cccaggttat ttagctattc tagaaagtgc cgacttcttt caagaagcag 1860
    gcattgtagg acagctgaga attatcacat agcctaaatt ctagcctggc agcaagagtc 1920
    acatctgaga tgtccaaaaa aaaaaaaaaa aaacacctga tctacattga aagggggtag 1980
    actaacgtat gtgagaccat tttcctattt gcagttacaa ggttaaagaa ctttgaagg 2040
50  cattcgctg ctaagaggca tgtcgaacac tctgtgtggc tctttcacag taaacctcc 2100
    taagagcaga agacacatgg ctgttagtgt ctgcgtttag atttaatttc tcaataaag 2160
    gcccttggct gcgtatcatt tcatccagtt ataaactagg gctcctgcaa gcacccccat 2220
    tctaagggtg aattattgaa atcagttgct atttgatgag tcacaactgg ccagcaggc 2280
    agggcatttg aagtcattgg catcaaaaag aaatgattgt tttttgaaaa gctaaatgct 2340
55  taaaatgctt ctagagggaa gtcgtggggc gtgtgtcat tctctttaa atcagggttg 2400
    ttgagtttgt ttttaaacat ttttataagt tcatgagaaa aaatatataa attctaaga 2460
    ccaacactgt attcccagaa acatgacctt cgctgggtctt ggggtccacat atcattggac 2520
    tctggggggac acaaagatgc ctgtgacact ttgggtgttc cgagttagtc aacaattatt 2580
    ctgggaaaaa gcagaattga attcttctct agatgtccta ccagggttgg ccaagggcca 2640
60  caaagcaggc taataaattc ccacaggatc cagacaccag gcaaaattgc tctaagaagc 2700
    cagttactgt catccctcta tggttctaga aaaaatagta caaaaatgac aggtcatcct 2760
    atgagcgtca tgccaatgaa accccatctt ctggagaagc ccttgaatca gaattatctt 2820
    ttttcttgat gtcgtcagat gcagccagtt tcttaatttt tttaaaaact gtatgtttct 2880
65  gtggatgta tatttgtaca cctaactacc tggcacttgg aaatcacagc actactcaga 2940

```



```

ggcaattgaa taaagagaaa ttttaatttta aatatcaagt cctgtcaaac atttctcaaa3000
cttctgattt tatcaaaagg tggccagcca ataaagtgc tcccaagtat acaggggaga3033
aagctagact cctacagggt cctagagttt aagtaatttt tttgttatta atataaggtaa3120
taatttttct aattttttat ttttgggtcc aaatgtaaag ctccctgtgt ttacctctgt3180
ttatgtcatt cttgacatgt ttatctaaat tatgtgtgct ctgtgacagg tgaaatgtaa3240
atctgggata catagtcaag atatacataag gacctacttc ccagcctacc tttcttctct3300
tacctgataa tgataaatac caaaataaca acattcaaaag gaaacacaaa gaaatcctgc3360
tttcacatct cctatttctt gggctcctta ataactactg atggtttgtt catgaaaaaa3420
aattttttaa tcaaaagatt gtacttgccc ctgagttgaa aaaatttcaa aaatcaaaag3480
tttgtacttg gccctgagtt gaaaaaaaa attcacattc taagaataaa cagaaaaatg3540
ttcttcttgg aagtaataaa caaaagccat agtggtttca tttgtctttt cttcaggata3600
cacggtagaa gtcagagaat ctttgatact tttatttggg gcaataatca aggccatgca3660
acaacccaaa atcaagcatt ttggttcaag tcaggatgac atgagtgggg acagaagctg3720
tggcagtcac tcaaaataatc tcatgggtcc tgaggaaaag acaggagtta acgtattaag3780
tttctactat atgcaggaac tgtgttaaat attttacata agttttgata atagctaaca3840
ttagctgagc acaaaatttg ggcctgatt tgtgctgagt atctttcaca gattactgct3900
tttaatcagc agtccttgtg agctaggtat gatcattatc cccatttata gattacggat3960
gagattcg                                     3968

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

gtaatgggaa atttgggtgt ctgaatcttc ttcttaggat attgatatat tccacgcttc 60
tagtgggtat tctgggaatt ttaccctgct cagtatttgc cctagggtag tagaaagagg120
agattgtcca aacttagcag tatggtccat ctctgttaga agtggaatg tcatacagg180
tagcaaacac tcttgggtcc ttttggccca ggcttgccca gagccggcaa cagcaacaaa240
atgtggagga tgcaatgaaa gagatgcaaa agcctctggc ccgctatatt gatgacgaag300
atctggatag gatgctaaga gaacaggaaa gagaggggga ccctatggcc aacttcatca360
agaagaataa ggccaaggag aacaagaata aaaaagttag acctcgctac agtgggtccag420
cacctctcc caacagattt aatatctggc ctggatatcg ctgggacgga gtggacagat480
ccaatggatt tgaacagaag cgcttgccca ggcttgccag caagaaggca gtggaggaa540
ttgcctacaa atggagtgtt gaggatattt aactttctg aggtgtggg ggtggctggg600
ctgtggtagt gggcataggc agcgagatat ccagtggtaa cagttgtctg tgctaataat660
tggagccccc acagaccagc aacttgttga atgccagttt tgaccacaga agaataattcg720
agacctgatg tttggattga ggtacctgta cttcttgggg tgttgacagc agcgggtgtt780
ggtgggtttt cagaggaa                                     798

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1068 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

```

cccctctctg tgactcagtc tctgagcgtt ttaatacgtat ggtgtcccg cgggatcaaa 60
cttcagcgtc acagctgagg actggcttcg tggccctga tgggagagca tgaacaggtg 120
gtatgtgaag cccttgaga ccagctcttc caaagtcaaa gccaaagacca ttgtgatgat 180
tcccgactcc cagaagctcc tgcgatgtga acttgagtca ctcaagagcc agttacaggc 240
ccagaccaag gctttcgagt tcctgaacca ctcaagtacc atgttgagga aggagagctg 300
cttgacagca atcaagattc agcagcttga agaggtgctg agccccacag gccgccaggg 360
agagaaggag gaggacaagt ggggcatgga gcaggccgg caggagctgt atggggccct 420
gacccaaggc cttcaggggc tggagaagac cctgcgtgac aqtgaggaga tgcagcgggc 480
ccgcaccact cgctgcctgc agctgctggc ccaggagatc cgggacagca agaagttcct 540
gtgggaggag ctggaactgg tgcgggagga ggtgacctc atctatcaga agctccaagc 600
gcaggaggat gagatctcag agaacttggg gaacattcag aaaatgcaga aaacgcaggt 660
gaaatgccgc aaaatcctga ccaagatgaa gcagcagggt catgagacag ccgctgtcc 720
ggagactgaa gagataccgc aggagccagt ggctgctgga aggatgacct ccagaaggaa 780
ctgagtgata tatggtctgc tgtgcacgtg ctgcagaact ccatagacag cctcactttg 840
tgetcggggg cctgtcccaa ggcctcgagc ctaagaggcc acaaggggca ccagtgcctg 900
agccctccac tcccctcctg ggactctgac tccgactctg accaggacct ctcccagcca 960
cctttcagca agagcgcgcc ccccttccca cccgcttgag cagccgggac tgctctccct 1020
gaagaccct ccagagagaa aataaactag ccagaccct cctctaaa 1068

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 4584 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

ctcgagccgc tcgagccgcg gaagtaattc aagatcaaga gtaattacca acttaattgtt 60
 tttgcatgtg actttgagtt aagattattt tttaaatcct gaggactagc attaattgac 120
 agctgaccca ggtgctacac agaagtggat tcagtgaatc taggaagaca gcagcagaca 180
 ggattccagg aaccagtgtt tgatgaagct agggcttggg gcaagagggc aagcagcagt 240
 tgggtgtgaa gataggaaaa gaggccagga gccagtgcga tttggtgaag gaagctagga 300
 agaagggaag agcgctaacy atttgggtgtt gaaaagagga attgggagtg gtaggatgaa 360
 acaattttgga gaagatagaa gtttgaagtg gaaaactgga agacagaagt acgggaagggc 420
 gaagaaaaga atagagaaga tagggaaatt agaagataaa aacatacttt tagaagaaaa 480
 aagataaatt taacacctgaa aagtaggaag cagaagaaaa aagacaagct aggaaacaaa 540
 aagctaaggg caaatgtac aaacttagaa gaaaattgga agatagaaac aagatagaaa 600
 atgaaaatat tgtcaagagt ttcagataga aaatgaaaaa caagctaaga caagtattgg 660
 agaagtatag aagatagaaa aatataaagc caaaaatttg ataaaaatgc actgaaaaaa 720
 tgaggaaaatt attggttaacc aatttatttt aaaaagccat caatttaatt tctggtggtg 780
 cagaagttag aaggtaaaagc ttgagaagat gagggtgttt acgtagacca gaaccaattt 840
 agaagataac ttgaagctag aagggggaagt tggttaaaaa tcacatcaaa aagctactaa 900
 aaggacttgt tttaatttaa aaaaactaag gcagaaggct tttggaagag ttagaagaat 960
 ttggaaggcc tttaatatag tagcttagtt tgaaaaatgt gaaggacttt cgtaacggaa1020
 gtaattcaag atcaagagta attaccaact taatgttttt gcattggact ttgagttaag1080
 attatttttt aaatcctgag gactagcatt aattgacagc tgaccaggt gctacacagall140
 agtggattca gtgaatctag gaagacagca gcagacagga ttccaggaac cagtgtttga1200
 tgaagctagg actgaggagc aagcgagcaa gcagcagttc gtggtgaaga taggaaaaga1260
 gtccaggagc cagtgcgatt tgggtgaagga agctaggaag aagggaaggag cgctaaccgat1320
 ttggtgttga agctaggaaa aaggattcca ggaaggagcg agtgcaattt ggtgatgaag1380
 gtagcaqqcc qcttqqcttg gcaaccacac ggaaggagcg agcagggcgtt gtgcgtagag1440
 gatcttagac cagcatgcca gtgtgccaa gcccacaggga aagcaggttg ttggtaaaaa1500
 tccgtgaggt cggcaatatg ttgtttttct ggaacttact tatggttaacc ttttattttat1560
 tttctaatal aatgggggag ttctgtactg aggtgtaaag ggattttatat ggggacgtag1620
 gccgatttcc ggtgtttgta ggtttctctt ttccaggctt atactcatga atcttgtctg1680
 aagcttttga yggcagactg ccaagtcctg gagaaatagt agatggcaag tttgtgggtt1740
 tttttttttt acacgaattt gaggaaaacc aaatgaattt gatagccaaa ttgagacaat1800
 ttcagcaaat ctgtaagcag tttgtatggt tagttggggg aatgaagtat ttcagttttg1860
 tgaatagatg acctgttttt acttctctac cctgaattcg tttgttaaatt gtagagtttg1920
 gatgtgtaac tqaqccgggg gggagttttc agtatttttt ttgtggggg tgggggcaaa1980
 atatgttttc agttcttttt cccttaggtc tgtctagaat cctaaaggca aatgactcaa2040
 ggtgtaacag aaaacaagaa aatccaatat caggataatc agaccaccac aggtttacag2100
 tttatagaaa ctagagcagt tctcacgttg aggtctgttg aagagatgtc cattggagaa2160
 atggctggta gttactcttt tttcccccca ccccttaat cagactttaa aagtgcctaa2220
 ccccttaaac ltgttatttt ttacttgaag cattttggga tggctctaac agggaagaga2280
 gaggggtggg gagaaaatgt ttttttctaa gattttccac agatgctata gtactattga2340
 caaactggg tagagaagga gtgtaccgct gtgctgttgg cacgaacacc ttcagggact2400
 ggagctgctt ttatccttgg aagagtattc ccagttgaag ctgaaaagta cagcagagt2460
 cagctttggg tcatattcag tcatctcagg agaacttcag aagagcttga gtaggcaaaa2520
 tgttgaagt ttggtttcca ataattgtgac ttcttaaaag ttttattaaa ggggaggggc2580
 aaatattggc aattagtttg cagtggcctg ttacgggttg gattggtggg gtgggtttag2640
 gtaattgttt agtttatgat tgcagataaa ctcatgccag agaacttaaa gtcttagaat2700
 ggaaaaagta aagaatatc aacttccaag ttggcaagta actcccaatg atttagtttt2760
 tttccccca gtttgaattg ggaagctggg ggaagttaaa tatgagccac tgggtgtacc2820
 agtgcattaa tttgggcaag gaaagtgtca taatttgata ctgtatctgt tttccttcaa2880

```

    agtatagagc ttttggggaa ggaaagtatt gaactggggg ttggtctggc ctactgggct2940
    gacattaact acaattatgg gaaatgcaaa agttgtttgg atctggtagt gtgtgggttct3000
    cttttggaat ttttttcagg tgatttaata ataattttaa actactatag aaactgcaga3060
5    gcaaaggaag tggcttaatg atcctgaagg gatttcttct gatggtagct tttgtattat3120
    caaacttttt tcagataaca tcttctgagt cataaccagc ctggcagtat gatggcctag3180
    atgcagagaa aacagctcct tggatgaattg ataagtaaag gcagaaaaga ttatatgtca3240
    tacctccatt ggggaataag cataaccctg agattcttac tactgatgag aacattatct3300
    gcatatgccca aaaaatttta agcaaatgaa agctaccaat ttaaagttac ggaatctacc3360
10    attttaaagt taattgcttg tcaagctata accacaaaaa taatgaattg atgagaaata3420
    caatgaagag gcaatgtcca tctcaaaaata ctgcttttac aaaagcagaa taaaagcgaa3480
    aagaaatgaa aatgttacac tacattaatc ctggaataaa agaagccgaa ataaatgaga3540
    gatgagttgg gatcaagtgg attgaggagg ctgtgctgtg tgccaatgtt tcgtttgcct3600
    cagacaggtta tctcttcgtt atcagaagag ttgcttcatt tcatctggga gcagaaaaca3660
15    gcaggcagct gttaacagat aagtttaact tgcattctgca gtattgcatg ttagggataa3720
    gtgcttattt ttaagagctg tggagttctt aaatatcaac catggcactt tctcctgacc3780
    ccttccttag gggatttcag gattgagaaa tttttccatc gagccttttt aaaattgtag3840
    gacttggttc tgtgggcttc agtcatggga tagtacctt cactcagagg catttgcatc3900
    tttaaataat ttcttaaaag cctctaaagt gatcagtgcc ttgatgccaa ctaaggaaat3960
20    ttgttttagca ttgaatctct gaaggctcta tgaaaggaat agcatgatgt gctgttagaa4020
    tcagatgtta ctgctaaaat ttacatgttg tgatgtaaat tgtgtagaaa accattaaat4080
    cattcaaaaat aataaactat ttttattaga gaatgtatac ttttagaaaag ctgtctcctt4140
    atttaaaata aatagtgttt gtctgtagtt cagtgttggg gcaatcttgg gggggattct4200
    tctctaactt ttcagaaact ttgtctgcga acactcttta atggaccaga tcaggatttg4260
25    agcgggaagaa cgaatgtaac ttttaaggcag gaaagacaaa ttttattctt cataaagtga4320
    tgagcatata ataattccag gcacatggca atagaggccc tctaaataag gaataaataa4380
    cctcttagac aggtggggaga ttatgatcag agtaaaagggt aattacacat tttatttcca4440
    gaaagtcagg ggtctataaa ttgacagtga tttagtaaat actttttcac atttccaaag4500
    tttgcatgtt aacttttaaat gcttacaatc tttagtggtt aggcaatgtt ttacactatt4560
30    gaccttatat aggaaaaaga tgag
                                     4584

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 982 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

    gtggaggggga ccctgtggtt agcagcagct atcgcagcgt cggatgttca gagcagcaga 60
    agccggcgctc gtccgatgtt gtgttgcccc ccaccatgag ctacacaggc tttgtccagg120
    gatctgaaac cactttgcag tcgacatact cggataccag cgctcagccc acctgtgatt180

```

DE 198 18 620 A 1

```

atggatatgg aacttggaac tctgggacaa atagaggcta cgagggtat ygcctatggct240
atggctatgg ccaggataac accaccaact atgggatgg catggccact tcacactott300
gggaaatgcc tagctctgac acaaatgcaa aactagtgc ctcgggtagc gccagtgccg360
attccgtttt atccagaatt aaccagcgt tagatatgt gccgcatttg gagacagaca420
tgatgcaagg aggcgtgtac ggctcaggtg gagaaaggta tgactcttat ggtcctgcg480
actcgagggc cgtcctgagt gagcgcgacc tgtaccggtc aggctatgac tacagcgagc540
ttgacccctga gatggaatg gcctatgagg gccaatacga tgcctaccgc gaccagttcc600
gcatgcgtgg caacgacacc ttccgtccca gggcacaggc ctgggcccgg gatgcccgga660
gcggccggcc aatggccgca ggctatggc gcatgtggga agaccccatg ggggcccggg720
gccagtgcac gtctgtgtgc tctcggcttg cctccctct tctccagaa catcatcccc780
gagtacggca tgttccaggc gcatgcgagg ttggggcgcc ttccggggcg gcttcccgtt840
ttggttttcg ggtttggcaa tggcatgaag cagatgaggc cggactggga agacggggac900
cacagccgat ttgcgaacca agaagaagaa gagaaagcag ggcggcattc tgattgagcc960
agttagcaaa gcagccgga tt
982

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 742 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

```

ctcaacttcg cacgactcgc tgcctcaagc cgacgcagcg gcctactctc gcactgcaga 60
cggggaaact gagggccgag gcggccgggg tggggcagac ctcccggcga gcccgagccc120
ccgcccccg ctagccccgc cctggcccggt aagaagcacc cggggcgaga ggcgaaggcg180
cacagcgagg ggcagagctg ggtccagcag cgcgatggca gctcagcggc tgggcaagcg240
cgtgctgagc aagctgcagt ctccatcgcg ggcccgcggg ccagggggca gtcccggggg300
gctgcagaag cggcacgcgc gcgtcaccgt caagtatgac cggcgggagc tgcagcgcg360
gctggacgtg gagaagtga tcgacgggag cctggaggag ctgtaccgag gcatggaggc420
agacatgccc gatgagatca acattgatga attgttgag ttagagagtg aagaggagag480
aagccggaat atccaggagc tctgaagtc atgtgggaaa cctgtcgagg acttcatcca540
ggagctgctg gcaaaagctt aaggcctcca caggcagccc ggcctccgag agccaagccc600
ctcccacgac ggacgcctca gccccctcca ggaccgggag cggactgctc adccctgacc660
ctcttgact ctccctgccc cccggacgag gccagcttg cttgtgtata agttgtatt720
aatggttctg taacaataaa aa
742

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2330 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```

30 gtttggacaa gttgttttaa taggaaatag acctgcgtgc ttcataaggtt tcctcaacca 60
   cctttcctca gctttcttaa aatgggatct acattggctc ttcacacca aatagcagac 120
   taatcgtttt tctgcttagc accgtctggt tcattgtctt gaactctgcc ttacagcagc 180
   aagaaaattt tctcgataa gaacctcaat ctttagttcc attgagctcc cctctctggat 240
   tttggactta ccagaagtag gaggttctga taccattcaa gatggtcttt ccttcaaagc 300
35 aggtctgaag aggagactac caaagcagtg ttacaaaacc cagagtccac acaaccatat 360
   tgcatagaac agcacttgge ttccacaagc ctctacagg acctgggtga attggagtga 420
   aagggcagag acctgggaag tggaggtggc tgtgtgctgc gatgggaaga aggcagaagg 480
   cccaggggct ttggacatag agcaggggtg aagctgcaag tactgggaag gaagagagtt 540
   tcacagaaac aagccttctg cacacagaaa tgagttctgt ctactgggtg acttcatccc 600
40 tcaggtctca gctgagcaga gattttaatc agcttctcta atgggtattg aactgctca 660
   ggaagcagta gacctgtca gggacageta ttgatctttt gtgttctgat tagattggaa 720
   aatagatcaa ctltcattgta gtccaggaac tgttggtcac agctactagg aatgaggtga 780
   tttctgaggc ctgagaaaaa acacagaatc ttggccagca gccagcagct gcatggtgaa 840
   agatgcattc acttctctct tgagagttgg ggttgagggc aaacatagaa cccaggtttg 900
45 gcttacaacc cagtgtcccg gaagccctcc ttccggagaa ctgtaagtaa gaggtgggtg 960
   tgtctaaaga caataccatt aatgaatggt ctggccttac ctaaaaaggc ttagcaattt 1020
   ggggataact cttggatcta gcttatgtgc gttcacatgc acatttgcta gccagagct 1080
   tttaaaatga cgtctggcat atacttgatt acaaatgaaa actcagaaac caattttatt 1140
   tattaaatca tatcttttgt ttttccccc ccttctaat ccccaaaagg acctatttga 1200
50 gctgttcccc aattcatctg cttatttttg accatgaatc tgccagagtg atattttctg 1260
   ttattttctc tccaaatttt tccctgatgt ttccaataaa gatttacttg ggtggcccc 1320
   taaggtgaca tcaggatgct cttatgtctt tccagaataa gcatacactt cactcctctc 1380
   ccttcatctc cctctgcat tcttaattcc ttgcttttct cacttgagc cgagggtgct 1440
   ttagagaggt cgttttccat gaatcagcca agattcctgt agaagttggg tatacctatt 1500
55 ccagtttcaa agctcctcgg ctatgcta atgtccctcag agatgaggtt tgacttttag 1560
   gcccgatatg clcctccata gcctggccaa ggagaccatg agtagccatg tctggtttac 1620
   tctttatctt cagactgttc gtttatagct taaaacagaa gtgtgtcttc ccagcacaal 1680
   cctaatacat cagtgtatca gtgcattctg tggcacagc tcagcccatt caaagagcaa 1740
   ggattcagga aaggcacact gatggtgggg agcctcttaa gagcctctaa tgttctccal 1800
60 aaaccagagt tgagagtcgg agtgccagtc gtcggggccc actattcctg aataagggac 1860
   atgcaagggc cagaagtagc ttgactctcg cctaaatct tgtgcctttg cctgtccttt 1920
   ctcccactct actgaaaccc ggaacagatt cccgcttgcc ttctgatgaa gagaggttag 1980
   gtaagagag tttggaggaa aaaagacacc aggaggcagg ctgtggggtg ggagagggtt 2040
   ctgagaggag ccagcaatcc agaatacctc ctttctagc cagcatccct tgaacttttg 2100
65

```

aaaggttggtg cctaccactg gctggcacac cagggcaatg atttcctctg agaaggaagg2160
 aaagaatgtt ttcacccttg catcttctt gggagagct accagcctgt tgcttcagtt2220
 tgagtttggtt tcacattcag gattttgggg ttttatgggt tttccttcct ccctgtgttt2280
 tgccccgaac gttgatcaac aggggtgaaa aagggccacc tgagggtttc 2330

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1860 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

gaggcagttt gagatcacca gcatttccgt ggatgtcttg cacatcctgg aattcgacta 60
 tagcaggctc cccaaacaaa gcatcgggca gttccatgag ggggatgcct atgtgggtcaa 120
 gtggaagtgc atggtgagca cggcagtggg aagtcgccag aaggagagac actcggtag 180
 ggcagccggc aaagagaagt gcgtctactt cttctggcaa ggccggcact ccaccgtgag 240
 tgagaagggc acgtcggcgc tgatgacggg ggagctggac gaggaaaggg gggcccagg 300
 ccaggttctc cagggaagg agccccctg tttcctgcag tgtttccagg gggggatggt 360
 ggtgcactcg gggagcggg aagaggaaga agaaatgtg caaagtgagt ggcggctgta 420
 ctgctgctg ggagaggtgc ccgtggaagg gaatttgctg gaagtggcct gtcactgtag 480
 cagcctgagg tccagaactt ccattggtgt gcttaacgtc aacaaggccc tcatctacct 540
 gtggcacgga tgcaaaagcc aggccacac gaaggaggtc ggaaggaccg ctgcgaacaa 600
 gatcaaggaa caatgtcccc tggagcagg actgcatagt agcagcaaag tcacaatata 660
 cgagtgtgat gaaggctccg agccactcgg attctgggat gccttaggaa ggagagacag 720
 gaaagcctac gattgcatgc ttcaagatcc tggagtttt aacttcgcgc ccgcctgtt 780
 catcctcagc agctcctctg gggattttgc agccacagag tttgtgtacc ctgcccagac 840
 cccctctgtg gtcagttcca tgcccttcct gcaggaagat ctgtacagcg cgccccagcc 900
 agcaattttc cttgttgaca atcaccacga ggtgtacctc tggcaaggct ggtggcccat 960
 cgagaacaag atcactgggt ccgcccgcac ccgctgggcc tccgaccgga agagtgcgat1020
 ggagactgtg ctccagtact gcaaaaggaaa aaatctcaag aaaccagccc ccaagtctta1080
 ccttatccac gctgtgtctg agcccctgac attcaccat atgtttccca gctgggagca1140
 cagagaggac atcgtctgaga tcacagagat ggacacggaa gtttccaatc agatcacct1200
 cgtggaagac gtcttagcca agctctgtaa aaccatttac ccgctggccg acctcctggc1260
 caggccactc ccggaggggt cgatcctctg aagcttgaga tctatctcac cgacgaagac1320
 ttcgagtttg cactagacat gacgagggat gaatacaacg ccctgcccgc ctggaagcag1380
 gtgaacctga agaagcaaaa aggcctgttc tgagtgggga gacgccagag gagcctcacg1440
 gtcacgtcca acaacaccac tgcaccaggg aaatggatat atatttttg actggtgttt1500
 ttcacaaaagt atttttcaat cagagttttc agaacctgac attgttaaag atactgcttg1560
 tccccgagtt gtgtattttg taaatgttca aggaactgt ttggaaactt cttccacca1620

65

DE 198 18 620 A 1

ttcaggaggt tatcagaatt aataaaaagta tctgctatgt gcacttaagc cgtagctgct168)
atagatagca ctgccttctt gttccagcta ggcaacgcct ttttctttt tttgaagcag1740
ttctctttat aaagtgttat tttgatatgt tgtggattct aaaataccat ataagtcaaa1800
5 tatggattta acaaagcaat atgtattcat tcactttcga gatttggggg gttgtttttt1860

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 807 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

cctttcctca tctctattaa attgtaaaca ggactactgc atgtactctc tttgagggtga 60
atgtggaatg gaaggccagg gactatactc tttttaaagt agacatttgt ggggctcaca120
caatatatga aatagtaccc tctaaaaaag agaaaaaaa aatcaggcgg tcaaacttag180
agcaacattg tcttattaaa gcatagttta tttcactaga aaaaatttaa tatcaaggac240
tattacatac ttcattacta ggaagtctct tttaaaatga cacttaaaac aatcactgaa300
aacttgatcc acatcacacc ctgtttatct tccttaaaca tcttggaagc ctaagcttct360
gagaatcatg tggcaagtgt gatgggcagt aaaataccag agaagatgtt tagtagcaat420
45 taaaggctgt ttgcaccttt aaggaccagc tgggctgtag tgattcctgg ggccagagtg480
gcattatgtt tttacaaaat aatgacatat gtcacatgtt tgcattgttg tttgcttggt540
gaatttttga acagccagtt gaccaatcat agaaagtatt actttctttc atatgggttt600
tggttcactg gcttaagagg tttctcagaa tatctatggc cacagcagca taccaggttt660
50 ccattcctaag agggaaatgga aattaatttt gtaacctact gattaacaga atctgggggt720
cacattggaa aaaaattctt ttatccgtct ttaaggata tgtttaaata ttattttatg780
tgtcggcata ttgcggacag tctgaga 807

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1932 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

ccgggggtttt gggctggaac tgcagcgctt agagagctcg gtggaagctg ctaaaggcgg 60
 aggcgggggt ctggcgagtt ctccctccac cttccccac ctttctctgc caaccgctgt 120
 ttcagcccct agctggattc cagccattgc tgcagctgct ccacagccct tttcaggacc 180
 caaacaaccg cagccgctgt tcccaggatg gtgatccgtg tatatattgc atcttctct 240
 ggctctacag cgattaagaa gaaacaacaa gatgtgcttg gtttcttaga agccaacaaa 300
 ataggatttg aagaaaaaga tattgcagcc aatgaagaga atcggaagtg gatgagagaa 360
 aatgtacctg aaaatagtcg accagccaca ggttaccccc tgccacctca gattttcaat 420
 gaaagccagt atcgcgggga ctatgatgcc ttctttgaag ccagagaaaa taatgcagtg 480
 tatgccttct taggcttgac agccccacct ggttcaaagg aagcagaaat gcaagcaaa 540
 cagcaagcat gaaccttaag cactgtgctt taagcatcct gaaaaatgag tctccattgc 600
 ttttataaaa tagcagaatt agctttgctt caaaagaaat aggcttaatg ttgaaataat 660
 agattagtgt ggttttcaca tgcaaacatt caaaatgaat acaaaattaa aatttgaaca 720
 ttatgggtgat tatgtgaggg agaattggat attaacataa aattatatta ataagtagat 780
 atcgtagaaa tagtgttgtt acctgccaag ccattcctgt taaccaatg attttacaaa 840
 gaaaacaccc ttccctcctt ctgccattac tatggcaact taagtgtatc tgcagctcta 900
 cattaanaag gagaagagaa aataacctgt ctctcattcc taagttgcct cattaatttt 960
 catgaacaag aatatgtacc tttttgatgc tatattactg cgattaaaaa gttcttgcag 1020
 gtaatgttta tgatatgtta aacgttgtaa tttcttatcg taattataac attccattc 1080
 tttttagtag gaaacttcta catattgaac cacagatttt ctgagcttct aaatgtagcc 1140
 tttcattgca catttcagtg atcagaatag atatcctttt acacgcacaa aagcaataga 1200
 ttcattcagt ggacaagttc cttgtttaac tacacagcta tgatggaatg atatatccaa 1260
 gttccttgcc tcagtgaat atgcatatgt atatcatgaa agtgggatgc caagtaagct 1320
 taaaatggca ttctctagca aagagattag acttttaaat aactcttata aaacagggtg 1380
 gogatcattt cccaagattg gtttcccttg agtttttgct aaaacaaatc ttagtagttt 1440
 tgcccgttta aaacaactca caatcgtaaa tgctactatt cctaagatat ctacctttt 1500
 tatttcagtt tagccatgta ttgtatgagt gtattagtct aagcagttag aatcttttct 1560
 atgcctctat tccagcaaaa agtagaagta tcaaataaaa agggcaactt ttaaaatatt 1620
 aagcctgaag acttctaaaa agacaagaaa catggcctaa ataaccaaca tagatttaca 1680
 tagtaagttt cacactacct tattaccaaa agcaaacacc tcttacttta aactacatta 1740
 tcatgtatat ctattgtatg ctggtcttta ctttttgcca aaatcaacat ataatgaaga 1800
 gatgcctttg tttcatgaga ttcaaaactg atgctatgct ttaaaataaa ctcagtactt 1860
 tttagaaacat aaaaaaaaaa aaaaaaaggc gacccccga gtagtgggac cgcgcccggg 1920
 gatttttccg gg 1932

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3024 Basenpaare

60

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ES1s durch Assemblierung und Edtierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

```

atatatgtta agacattccc ttgctaatta ttttcttctc tgttggttcta tttttttggt 60
ccagtttgcgt gtttttaaaag ttttgagtc cagctgggtcc tgtacattta actgaaaaaa 120
aagtaactta aaataatata aaaatagcac tcatgtatgt cctacagtta taggtgaaat 180
ttgatattgt ttgtcttaca tagcatacct atagacagct taagtaaagt gactgttaag 240
agggttatgc ttattgatga actcttgtag ttgtttacca gctctgttag tatagttaaa 300
ttgatctcag tagcttcaag tattttataaa atggttgaag tccaaataca tgtgataatt 360
acaatacact ttgaattaat ggggggtggg aggctagtgt aaatgcattt tatttaccga 420
aggagtatgt taaaatgata gttataaatg ttggaagtgt aaagcaagat actcagttta 480
gttctttaca aatcataaga agaacaaaat tagatgttga cattgctatt ttaggctgtg 540
tgttttccat atgcttcttg ctttccctgt cacaggtggt ggcagcaata ttggtgtgat 600
tgaggttatg ctggcaccac tcgcacacag gcgcacaatg gtggttagctg ggcagaaaaga 660
gtggcatctc tggctaccgg gctgggggcg acctttacca taggatgaag taaccttgca 720
ttcggttcca aggtgtactg tacgtacaca ggtgctggtc gatgtccact ttctgctttt 780
ctttctttct ttttttcttt tttaaagtaa ttccccccac agtaaaatac actgactcct 840
gagtaaattg attttccagt tttatggaat tgggagtctg acaagtgaag ccaatttaat 900
gtaaagtatt tggctttcaa atggtttctc tgtgctattt tttggaattc tttcagattc 960
cagagatata ttacgtcttt gattcaattt aaaatttgta cttattttct tttagaaata 1020
atgtattgtg tctgtgcaga aaaaaaaaaa ccaaaaagga ttgctttact ccaagaggag 1080
agattgtctt aggataaacc tccaagctca catttaatat aacagactga agttaaactt 1140
agaatcctgt ttagagctat tctgcacagt taactactga tctttagaat ctaaaattgt 1200
atatgaactt attcttaaat aattgaaccg ttttatattc aaatgactta tgatcgtggt 1260
tagtttggga aaaataagat ggttaaatat tgatttattg aaatgtaatt gtattatttt 1320
cataaaatag cattttcatt ttgtaattgt gtttaacatc cttgttggtt gccaaagaaa 1380
ttcattttgg ctgtgaatat tctatttgct tgcagtatct gtttctcttc ctaggctcaal 1440
gttggtgacc caagcctatt gtaaacagat gattatctca aaggagatg ccaatggagt 1500
aacaatttgt taaccttacg ttttctgtct gtatattttt ttaaaaatct ggtagtttct 1560
ggaaaaaaaa gagaaggggg tttgtagtac ttaaccttat ttatttccgt atattttagt 1620
taatttagtt ttggaataaa tggatttcag tatagctttg tggttaaatt gcattgcctt 1680
tattttatgt ttaggcttat ttttaaatta acatttaaca gaaacatttg aaatagaatt 1740
tgcatgtctg ccttaattaa cttaaagact gattttaatc tgactatgac actgagcata 1800
ttctttaaat tactcataat ttataatgct taatataatc ttaattaaat ttagcagttt 1860
tagtataaga tgtgccattt tgtcctctgt atgtctgaat gaagctataa catttgcctt 1920
tttattgcag gttttccttt ggaatatgga ttctcctgat ggagcattac tggctactgc 2040
acatcaccat gatgtggtag cttgtgactt tctcctgat ggagcattac tggctactgc 2040
atcttatgat actcgagtat atatctggga tccacataat ggagacattc tgatggaatt 2100
tgggcaactg tttccccac ctactccaat atttgctgga ggagcaaatg accggtgggt 2160
acgatctgta tcttttagcc atgatggact gcattgttga agccttgctg atgataaaat 2220
ggtagaggtt tggagaattg atgaggatta tccagtgcaa gttgcacatt tgagcaatgg 2280
tctttgctgt gccttctcta ctgatggcag tgttttagct gctgggacac atgacggaag 2340
tgtgtatttt tgggccactc cacggcaggt ccctagcctg caacatttat gtcgcatgtc 2400
aatccgaaga gtgatgccca cccaagaagt ctgaggagct ccgattcctt ccaagctttt 2460
ggagttttct tcgtatcgta tttagaagat tctgccttcc ctagtagtag ggactgacag 2520
aatacactta acacaaacct caagctttac tgacttcaat tatctgtttt taaagacgta 2580
gaagatttat ttaatttgat atgttcttgt actgcatttt gatcagttga gcttttaaaa 2640

```

DE 198 18 620 A 1

tattatttat agacaataga agtattttctg aacatatcaa atataaattt ttttaaagat2700
 ctaactgtga aaacatacat acctgtacat alitagaat aagctgctat atgttgaaig2760
 gacccttttg cttttctgat ttttagttct gacatgtata tattgcttca gtagagccac2820
 aatatgtatc tttgctgtaa agtgcaagga aattttaaat tctgggacac tgagttagat2880
 ggtaaatact gacttacgaa agttgaattg ggtgaggcgg gcaaatcacc tgaggtcagc2940
 agtttgagac tagcctggca aacatgatga aacctgtct ctactaaaaa taaaaaagaa3000
 aaaaaaaaa aactcgaac tact 3024

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 505 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

ctgcacgggc gcagatgtag gcaccgggtcc gagtgcctgc cctctgtc^Acc cgcggtctggg 60
 tctcgtctgc tccggttcct gggctcctaa ttcttggtcc agcttcttcc aggtctgcgc120
 gtctgtttgt cccagcgtc tgcgaagctg aaaaggagga gcaacctgtc cagaatcccc180
 gcaggacagg aaaaggagg gaaatctcga catggaaaaa ctctacagtg aaaatgaagg240
 aatggcttca aaccaaggaa agatggaaaa tgaagaacag ccacaagacg agagaaagcc300
 agaagtaact tgtactctgg aagacaagaa gttagaaaac gagggaaaga cagaaaacaa360
 gggcaaaaca ggagatgagg aaatgtttaa ggataaagga aagccagaga gtgagggaga420
 ggcaaaagaa ggaaagtcag agaggaggagg agagtcagag atggaggagg tgcagagaga480
 gggaaccgga ggtaggggaa gcgga 505

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

PPLRLRLEFFY LRKFISTSTA EIRKWYRFGQ IILYEMDPHT TSFLIQARYN IIPGFSKSSQ 60
HGYLCYSVLA FIAASSFERRA FFSKFKLVKV SCLWAAFLPS ITMKMHPTTV RAIIR 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129

VRDGAPGLSC GFVQNPFILE KSELLVSLRD EETSLSHNLK QLPAARRRPL RLPMATCYSA60
DQRTSPGTV ALVSSMSPSV GV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130

QVAMGSLSG LLAAGSCFRL CERDVSSSLR LTRSSDLKRI NGFCTKPQES PGAPSRITYNR 60
VPLHKPTDQW KKILIWSGRF KKEDEIPETV SLEMLDAAKN KMRVKISYLM IALTUVGCIF120
MVIEGKAAQ RHETLTSLNL EKKARLKEEA AMKAKTE 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

| | |
|---|----|
| (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 10 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131: | |
| GIITLSLLMI IHPQMEEFIR QPLQFRLKTG AHRTQGTIKE DQEPFFLSK NWP | 53 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132: | |
| (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren | 25 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 35 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 40 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132: | |
| LFILRWRSLS VSHFSFVLKQ EPTGPKELLR RTRNLGFFQ KIGPSPINEG KN | 52 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133: | |
| (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren | 50 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 60 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 65 |

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

KKKPRFLVLL NSSLGPVWSC FKTKLKWLTQ KLLHLRMNNH Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

ADPAFSTDLF QGCTDMAAAF RKAAKSRQRE HRERSSDYRK KQEYLKALRK KALEKNPDEF 60
YYKMTRVKLQ GGVHIIKETK EEVTPEQLKL MRTSGRQIYR KGRGCRS 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRRSPLIFS KAVQWRRLE GRRLSPGSGN TESEAVTTVK NKNTSKLFGR RLLKKIQMNS60
TTK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

LFWGYFFLSL LNNMYSTLEF NPSHFVVEFI WIFFKSLLPK SFEVFLFFTV VTASLSVFPL60
PGLSRLPKSR RHVCTALEKI SGERRIR 87

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

EANNYMSCQG GSRFHSFSIL PQYPGINAAT GGQSLFVLLP TPSLFCLFNS VKLFCLGPGK60
EPKENLSGQV HFWNAENILK ARFLEYSQLA FFPLI 95

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

45

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

65

DE 198 18 620 A 1

NSSASSPQFW PNSRLAVFTW YPGVGLLTLLI SMMFSKMKLD KVDHQLHRVF CKSIYVSKWPR60
DLRKIQIFCL PWSCFKS 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

DLKQDQGGKQK ICIFLKSLGH LLTILLQKTR CSWWSTLSSF ILENIIIEIKV SNPTPGYQVK 60
TASLLLGQNC GLLAELFYGL QSKWSYLTHH MTKVLNLVRG KVLNIQFWIQ EIIIVNFPFK120
SMERMLVENI LKI 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

RADQROGKTT QKQELKTSR HOGQLNEDKL KGKLRSLNQ LYTCTQKYSW WGMKKVLEEM 60
EDQKNSYEQK AKESLQKVLE EKMNAEQQLQ STQSLALAE QKCEEWSQY EALKEDWRTL120
GTQHRELESQ LHVLSKSLQG SR 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

VPAICSPAVW TEARGVGSPA PCAGSQGSSS PPSEPHTGSS TLHTSALPGP GIAVCSVVAA 60
LHSFSPALS AVTPWPSAHS CFSGLPSPVV LFSFPKGSIS GYRCIAGFLR ISVSPSVCLH120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SCRPWVPHLO RSLSPKAIN LGLKFLGAHF PKIEGPGFIC KSLLSAPLQF GLKHVELALQ60
LPVLGPKGPP VLLQSLILAP PLFTLLLCQG QGSLCAL 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

(A) LÄNGE: 783 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

DE 198 18 620 A 1

5 FLLQPSAFHL YEPPLDYTMT WRMGPRFTML LAMWLVCSE PHPHATIRGS HGGRKVPHVS 60
 PDSSRPARFL RHTGRSRGIE RSTLEEPNLQ PLQRRRSVTV LRLARPIEPP ARSDINGAAV120
 RPEQRPAARG SPREMIRDEG SSARSRLRF PSGSSSPNIL ASFAGKNRW VISAPHASEG180
 10 YYRLMMSLLK DDVYCELAER HIQQIVLFHQ AGEEGGKVR ITSEGOILEQ PLDPSLIPKL240
 MSFLKLEKKG FGMVLLKKTLL QVEERYPPV RLEAMYEVID QGPRIIRIEKI RQKGFVQKCK300
 ASGVEGQVVA EGNDGGGGAG RPSLGSEKKK EDPRAQVPP TRESRVKVL KLAATAPALP360
 QPPSTPRATT LPPAPATTVT RSTSRVTV AEPMTTTFAP TTQRPWTPSP SHRPPTTTEV420
 ITARRPSVSE NLYPPSRKDQ HRERPQTTRR PSKATSLESF TNAPPTTISE PSTRAAGPGR480
 15 FRDNRMDRRE HGHRDPNVVP GPPKPAKEKP PKKKAQDKIL SNEYEEKYDL SRPTASQLED540
 ELQVGNVPLK KAKESKKHEK LEKPEKEKKK KMKENADKL LKSEKQMKKS EKSKQKEKEK600
 SKKKKGKTE QDGYQKPTNK HFTQSPKKS ADLLGSFEGK RRLLLITAPK AENNMVYQQR660
 DEYLESFCKM ATRKISVITI FGPVNNSTMK IDHFLDNEK PMRVVDEDL VDQRLISELR720
 KEYGMTYNDF FMVLTVDVLR VKQYVEVPIT MKSVFDLIDT FQSRIKDMEN QKRGVFFEGG780
 KTP 783

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 20 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 KMVGVVWVFL RWERMENLF QNGFAAEVR MCSCIDLQTP RRWHTACLG VPRDSRPPTY60
 LSEARAAGHG PSAKPVCDA GALVQEA 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 45 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

65 SFSSLGVRNT LFITFKFALY FFSSMLVLWT FGDVSVRAGE RGVRRPSHRW SWPPPALSSL60
 PDHRFPICPS ENLSQGELKF TGQGTSTFIY IMLANRT 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

ASCTKAPRAS HTGLAEGPWP AARASDKYVG GLESLGTPKH AVCTHLLGVC RSIQEHILTS60
AANPFWKRF SHILSHLKKT HPPTTIF 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

NSKDKCFSLA FITTPETERW RCCASEPRLI ALKHQGHRTQ AWQRGHGQRH ELQTSMLEVS 60
NPLAPPSMQC APTFWVSADR YRNTSLPLQR THFPGKDFHT SSPTSCKPTH PQPFFKAPR 119

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

STKGIAHRLG RGAMASGTSF RQVCWRSRIP WHPQACSVHP PSGCLQIDTG THPYLCSEPI60
SLEKIFTHPL PPQKNPHTN HFLKPHG 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

DPPSHSQLGR CCHRMVFESV GARAHEWLSQ QLGWHLLPSA RNSNIMNARD SVLSKVFHHPK60
GAGHGCSRL 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

SAHLGLPKCW DYRREHPCPA PFGWKTLLST LSLAFIMLLF LALGSKCHPS CCDNQKCALA60
PTLSNTIR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

20

HHTQPIFVFL VATGFHHVGQ AGLEPLTSGD PPTLASQSAG ITGVSTRALP LLDGRLY 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

25

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

SAGIPKLAPK IPLPFSDLLK CYLISGAFFD HTLKTSTPTH GPCPPSRLHF LAYTYQM 57

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

LKTLTIVASI RVSTFYSSDP TSFNLLLLLIY GG

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

TKRAVMKSMH LCAIRAFLVP HSELIDSDYI HF

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

GRVRAVKGRH SDRSHSQQCF QSVNTDEVPT T

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

| | | |
|--|----|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 5 |
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | 10 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156: | | |
| VQNVMSACNF IFIKAKLIYM EYCSIYYAPI YILSPVVRYF ISLLLNIFYT YL | 52 | 15 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157: | | |
| (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren | | 20 |
| (B) TYP: Protein | | |
| (C) STRANG: einzel | | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | 25 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 30 |
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | 35 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157: | | |
| TGTFCEFFICC IENSHTQFSI LCQCSHHGWT LGRNSPQPFL VSFSQFFSVS RWAPVINLP 59 | | 40 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158: | | |
| (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren | | 45 |
| (B) TYP: Protein | | |
| (C) STRANG: einzel | | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | 50 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 55 |
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | 60 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158: | | |
| LSLCPCWPGN FFQWCLLEEV FSSGQFKEIK LGNGEGGR | 38 | 65 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

GSILDMMQEI SSWSQKFPRG AVFLRNGVYL NNS

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

KKLPGQHGHK LNYLNLKLF LKIQHLLGTF DSRKRFPASY PKCF

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

AAGGLGLGVG PRGMWRAGSM SAE LGVGCAL RAVNERVQQA VARRPRDLPA IQPRLVAVSK 60
TKPADMVIEA YGHGQRTFGE NYVQELLEKA SNPKILSLCP EIKWHFIGHL QKQNVNKLMA120
VENLFMLETV DSVKLADKVN SSWQRKGSPE RLKVMVQINT SGEESKHGLP PSETIAIVEH180
INAKCPNLEF VGLMTIGSFG HDLSQGPND FQLLSLPEE TVVKS 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

CRGPGARRRS PGDVESWQHV GRAGSRVRIA GGERARAAGC GAAAAGSPSH PAPASGGQQN60
QTCRHGDRGL WTWAAHEWRE LRSGTARKSI KSQNSVFVS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

LRSCP KLMV ISPTNSRLGH LAFMCSTMAM VSEGGRPCLL SSPLVLIWTI TFNLSGEPFL 60
CQELFTLSAN FTESTVSSMK RLGTAINLLT FCFCRWPMKC HLISGHKDRI LGFDAFSSSS120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

TSTGPSSPLV ASAATELAAF AAAFSSACMR PEGSASLEWN RLPLLMFGDL QGCEAREGIA60
MRILQASFSG LSSKG 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

NTHGDALTCL TPLQVPKHEE GKAIPKQRGR TFRAHTCRAK GSGKSCQFSC SRGYQGAGGT60
SAGLALYLHT RTAASRGTSQ SPVGSVAPOQ 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SHPFEDSPEK EACKIRMAMP SRASHPCRSP NMRRGRRFQN REAEPSGRIH AELKAAAKAA60
SSVAAEATRG LEGPVLV 77

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 347 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

TAFPLPVVVA AVLWGAAPTR GLIRATSDHN ASMDFADLPA LFGATLSQEG LQGFLVEAHP 60
DNACSPIAPP PPAPVNGSVF IALLRRFDCN FDLKVLNAQK AGYGAAVVHN VNSNELLNMV120
WNSEEIQQOI WIPSVFIGER SSEYLRLALFV YEKGARVLLV PDNTFPLGYI LIPFTGIVGL180
LVLAMGAVMI ARCIQHRKRL QRNRLTKEQL KQIPTHDYQK GDQYDVCAIC LDEYEDGDKL240
RVLPCAHAHYH SRCVDPWLTQ TRKTCPICKQ PVHRGPGDED QEEETQGQEE GDEGEPRDHP300
ASERTPLLGS SPTLPTSFGS LAPAPLVFPG PSTDPPLSPP SSPVILV 347

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- (A) LÄNGE: 588 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

55

QVTNMSDKSE LKAELERKKQ RLAQIREKK RKEEERKKKE TDQKKEAVAP VQESDLEKK 60
RREAALLQS MGLTPESPIV PPPMSPSSKS VSTPSEAGSQ DSGDGAVGSR RGPIKLGMAK120
ITQVDFPPRE IVTYTKETQT PVMAQPKED EEDDDVVAPK PPIEFEEKT LKKDEENDSK180
APPHELTEEE KQQILHSEEF LSFFDHSTRI VERALSEQIN IFFDYSGRDL EDKEGEIQAG240
AKLSLNRQFF DERWSKHRVV SCLDWSSQYP ELLVASYNNT EDAPHEPDGV ALVWNMKYKK300
TTPEYVFHCQ SAVMSATFAK FHPNLVVGTT YSGQIVLWDN RSNKRTPVQR TPLSAAATH360
PVYCVNVVGT QNAHNLISS TDGKICSWSL DMLSHPDQSM ELVHKQSKAV AVTSMSFPVG420

65

DE 198 18 620 A 1

DVNNFVVGSE EGSVYTACRH GSKAGISEMF EGHQGFITGI HCHAAVGAVD FSHLFVTSSF480
DWTVKLWTTK NNKPLYSFED NADYVYDVMW SPTHPLFAC VCGMGRLDLW NLNNDTEVPI540
ASISVEGNPA LNRVRWTHSG RGGGCGGILK DKFCYFAMLG GAVCWSPQ 588

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

FHVEQLSHSF LSWRKDTIQR GSKDFVKRGI HNLLWSKCPH L

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

CPRDVGTCSE VNYGCHVLQN PYCPFELCPS SKIRSYDSIV QHGIIMKSLN SSIFP

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

KAFLVLSFPK WALFLVIHMT LFGCGCLLNF LFWTSFSKPK PARDRKGNGN

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

CTFNIESFIY LIVYRTFHHY THLLHNILTS IFKFECTSSF SFNLVKPVIH TNVYCELSSEG60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

EESFVFLIHS FVNRYKGTNV LTYTKKKKIL VYPLMLIHRV LSYNVIQLGS LTFFPKNIFI60
EKGITLS 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

LYHIIRKHSV DQHKWVHKNF FFLGVCKHIC SFISVYKTVN QKDKTFFLVF VIFFLN 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IHWSPWPSYRL GPRSHRPGIQ TQRGQSIKVA VGSSNHCFYS RSLKIIIVYL LSITLGK 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

GEFTGVGPAT GWVPGHTARG FRLKGASPSR WQWGLQTTVS IPEAYLKSLY ICFP 54

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 45 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

VNSLELAQLP VGSQVTTPGD SDSKGPVHQG GSGVFKPLFL FQKPT 45

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

YLKLVPMMLGG QLFSMVLIRR SFFILSFKEI KVEIEYGWHV VPV 43

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

60

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

GSILDMQEM CYGGQKFPRG PVFLRNGIYL NNI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

TGTTCHPYSTI STFISLNDKM KKLLLISTIE KSCPPNMGTS FKYYLNKFHF LKIQDLLGTF60
DPRNTEPASY PKCF

74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SRRTQGAASR RFPQPDITGQ DFSASAQRGG LVAHSDLDER AIEALKEFNE DGALAVLQQF 60
KSDLSHVN KSAFLCGVMK TYRQREKQGT KVADSSKGPD EAKIKALLER TGYTLDVTTG120

DE 198 18 620 A 1

QRKYGGPPPD SVYSGQQPSV GTEIFVGKIP RDLFEDELVP LFFKAGPIWD LRLMMPLTC190
LNRGYAFVTF CTKEAAQEAV KLYNNHEIRS GKHIGVCISV AMPLFVCSI PKSKTKEQIL240
EEFSKVTEGL TDVILYHQP DKKKNRGFCF LEYEDHKTAQ QARRRLIEW 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

KLCTEWLKV GGIWRWMRGSC LGRLCFTWIR VGLREEIGV

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

EAVMTLILIL HTYFLTQPY NPSEAKPSQT APSHPSPYPP NL

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

PSFSFYTPIS SRNPTLIQVK QSLPRQLPLI HLHIPPTFNH SVHNFYSLHT SYLLIFLTNK60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

QQHHLPQSLG FLNKKEIVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60
SLLSFPIRMD TFCSACHFCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

HAEQNVSILM GKLRRLAWYR NWKCGTDEAT NEKFRTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTI60
SFLLRNPND 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

20

GTKSRYVMLW DLLPEDDIRQ LIGKESALLQ EQANHKKVVVS GGRPVGFAGF YCYLGAHSC60
SGVWDSKPGF FRHLTNS 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

25

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

45

RSRFHMLTL RALQLSLPTK IGGACFRVSR LSPTEKKKKK MSLEEA 46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

50

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

ITFSHDAHAQ GASTIIPPHKD RWRVFQGLSS LSYRKEKEKN VIRRGVTRQS VPRFVFPGVA60
ERDQF 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

ECREAGPLFL QSRLELISFG HSRKHKPGDG LTCYASSNDI FFFFSVGER RETLKHAPPI60
FVGRDN 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

RQTEGETEML RKPSYTTLPK NTSLRECKKY YWRWKSARKTA MGRPRPGD 48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

RAETRSQGQL NEDKLKGKLR CLESPAIQLY PEILPLGNVK STTGDGRAEK QLWAEQGQVI60

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

SCIAGLSKHL SFPFSLSSLS CPWLRVSALQ LLPLRAFPFA SDLL

44

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

65

DE 198 18 620 A 1

EIMNGLVLDN IWPBKLLTSV LGESHFVNHT SEIYMMLNGE QRPSCCKRCI KYLCCFCMRLCO
RSFSHLSPLF PIRISREÄKL FCGFGNGHFP GKCIWIDD 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

AHSSTKAKSK SEFLPILPLC NTLRSSHNCP TPLPVSCTT KSPSLSSFRY IVRQGRRALR 60
RRAFEALSTL PASVKMRLHY SPEKRARFSH RSRCIFPGND HSQTHRTVWL LWISL 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

SGVKRISCVL ETKAYCHCFK KSLCEMKKNM TNTGSHTYTY IQRNLTCTH TGRYRHTVPP 60
KRSPNQSSYR FYHSVILSEV PTTAQHLTYF FPAAQSLLS HLFDTSSTGRA EGHYAAEHSR120
LSAHCQPA 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

FSYFSTPLSL YNYAILLDAG PLNAEMICFL GFFFFKKYFH WFSVTL

46

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

YLSLCPCWPG NFFQWCLLEE VFSSCHFKKI KLEIEYGWHD CTLLVLLFFY SSVPL

55

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

RGPGLLLKPN GGPPMKLGYG RNLDISRLP LNRETVKRSI RFHRFWPLIP NSFPHNSVFL60
VSMKCLES HR KPVKIFLKKK KPQKTDHLSI QWTSI

95

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RPGVEPPLLR RLPDSETQKR VQGWGEMWSE GRFAFEKGSS RTHWDIVTHL NHLLIERCWP60
PNNGRSGPGP RA 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

GPSPYARGPG PDLPLLGQGH LSIRRWFKCV TMSQCVLELP FSNANLPSLH ISPHPWTRFC60
VSESGNLLKR GGSTPGL 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

EANTFLSEDG SNVLQCPVSF SNFLSQMQTF PHSTSLPIPG PVSVSLSQAT FSKEGVPLPA60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

PTTTLVILFLF FLSSRRRRQK DSFQTALCSL HCSFPKQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60
TLLSESHVFE QVLPLADKNH TSFL 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVGI LSPQPTCAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60
GSPSAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120
GGLCEGKD 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60
TPWKRRITSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

PDFRGFAGPA MFSRGFQVGR GERQGENAPC RGVQRSPASC PAVGWTSDL 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

QISGVLRAPR CFPEVFKWEE ESDKVKMPRA GASSGVLPAV RRWGGRLIYE GAHPPI 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

CCSCQSSQVR YSDRWMGTFI NQTSTPPPD S WQDSAGRPGT GHFHLVALLF PLENLWKTSR60
GPQNPGNL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

WGGRILASAV SIPLRKCHSH RPTVLARKQP QSGVPPPYTA IASPDASGIP VINCRCVQSL 60
INLDGKLHQH VVKCTVCNEA TPIKNPPTGK KYVRCPCNCL LICKDTSRRI GCPRPNCRI120
INLGPVMLIS EGTSSACIA QSQPEGYKGR VLGHGWGTHS LWDG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

SSAVPDGAVG RPVAVAVGGP PHSCRCRPCC LMAAIGVHLG CTSACVAVYK DGRAGVVAND 60
AGDRVTPAVV AYSENEIIVG LAAQSRIRN ISNTVMKVKQ ILGRSSSDPQ AQKYIAESKC120
LVIEKNGKLR YEIDTGEETK FVNPEDVARL IFSKMKETAH SVLGSDANDV VITVPFDFGE180
KQKNALGEAA RAAGFNVLR L IHEPSAALLA YGVGQDSP 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

RKWTLTSMQ KRMLKRPDNK LKYVTKWQRT AKQITHPFSR NSTMSSMNIT ILTSPTSSRK 60
YKRAEERRIV PMGESMKTYA EVDROVIPII GKCLDGIVKA AESIDQKNDS QLVIEAYKSG120
FEPPGDIEFE DYTQPMKRTV SDNSLSNSRG EGKPD LKFGG KSKGKLWFFI KKNKLMSLLT180
GGPFSF 186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5

ISGRRVSLNF VSEFSITEFC PCWCLGYRPD GPGSFPSCSG LEVSPLHFLK ACVQCSPKSI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

10

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

30

DLCSTLSATK GSITCFLNKA LVSPPASSGL HYSETNSTSF AGGITVPISR LGPALQTSFG60
LLVLLTLL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

35

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

55

TISFFKSKRG LKQEGTGTS QMDLGEHCTQ ALRKCKGLTS RPEQDGKLPG PSGL 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

60

(A) LÄNGE: 276 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

```
LPTAFLSSV FWIFMTWFL FFPDLGAPF YFSFIFSIVA FLYFFYKTWA TDPGFTKASE 60
EEKVNIITL AETGSLDERT FCTSLIRKP LRSLHCHVCN CCVARYDQHC LWTGRCIGFG120
NHHYYIFFLF FLSMVCWII YGSFIYLSSH CATTFKEDGL WTYLNQIVAC SPWVLYILML180
ATFHFSWSTF LLLNQLFQIA FLGLTSHERI SLQKQSKHMK QTLRLRTPY NLGFMQNLAD240
FFQCGCFGLV KPCVVDWTSQ YTMVFHPARE KVLRSV 276
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

```
SPSRSPVVFA GEFLEKHPFV EESLMSFFHP DLHLMNPKAI STQFLYSVF 49
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

KEINNYIRKE KNFKYLQ PST PNHPQDRWVQ KNPWFY

37

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

25

KESSKDDRTS RRRSIIISER KKILSIYNPL LLITPKIGGS RKMHLGFTEE RS

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

30

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

50

DKRNGIISKK LSPEKTTLKS ILKRKGTS DI SDESDDIEIS SKSRVRKRAS SLRFKRIKET 60
KKELHNSPKT MNKTNQVYAA NEDHNSQFID DYSSSDESLS VSHFSFSKQS HRPRTIRDRT120
SFSSKLPSHN KKNSTFIPRK PMKCSNEESC 150

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

NKWNKSKLGK EISKATQSLD PAQLADPCHS LAVAASLCSL KGEFGQCFPS PWAWSLHSGK60
QTSGPFPSQ ECLAAWWVLI AMF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

NSKLVDCRME TWLLRHWVSF SLCVSCWGVV MIVSALTHCT RWQODTALHK MAAPLQLPPQ60
PPSLHPRFG LWFLSSVTYC LRS 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

CLHNREPDIF RILSSSYGI LRPRSYLQTK WPWSLQNIAM STHQAARHSW DLGKGPLVCF60
PLCSDQAQGL GKHWPSPFS EHREAATARE 90

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

QSLRHCWLNI SLQRDGAFFE PGAGPVSSKA LDVFLVTRRR GCOMPLKPSG LVWPRAAGQG 60
RAEKWSSSQL ALPSPTQPRP RWSLDSILTS ASPKVQMSKC LVVQSQEMGS YLKS 114

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

GCVGGGRAEA MAEKFDHLEE HLEKFVENIR QLGIIVSDFQ PSSQAGLNQK LNFIVTGLQD 60
IDKCRQQLHD ITVPLEVFY IDQGRNPQLY TKECLERALA KNEQVKGKID TMKKFKSLI120
QELSKVFPED MAKYRSIRGE DHPPS 145

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

55

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

GQTMRTGLR GVSRAQSHLS RKVASALAVP ASRRIAVPGD LHTGRVSWLR RRVLPPDAS60
ILSHVERKYF RKFLNQAFK FLHGVDLAFN LLIFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

ALRPPLYALG QQVGAVTGPA DCSATAPLDF WIFWKQSQNS GLLGGWQRGM VRGPPFISLF60
SIRWQSTGHP WWVSGPRPMP TLPFESR 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

APALATQPPL SLPRGTGPAY LNSLTMLQT WLLDSKLLSS NVLLPHFHFL HICLLLYWFL60
LLNLYFHSWV LCLPPFFSA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228.

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

RSMSVEASFV CLGTTGRCCH WSCRFSNSP FGFLDILETK SEQWPTGGLA EGYGKRTSFH60
LPVQHMAVH RSSLVGVRPK THAHLTL 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ATLSRFFGRI FNLRLTQVFP FLFSSPNDKK SFCISIEGEWN GVMYAKYATG ENTVEVDTKK 60
LPIIKKKVRK LEDQNEYESR SLWKDVTFNL KIRDIDAATE AKHRLEERQR AEARERKEKE120
IQWETRLFHE DGECWVYDEP LLKRLGAACH 150

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

55

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

KFYRHTPLLI CLHIGLWLLS FYNGRVQSSH QRWSGLQTLT YLLPCLSQKK L

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SFTGTHPCSF VYILAYGCFP FTTVECSHHT RDGLACKPLP IYYLACHRKS YRPRSKTKTK60
PFVKTLKRAK NLPTV

75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

SAVITPEMVW PANPYLFTTL PVTEKVIDLG LKLKQNPLLR P

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

DSLRRGLGIC LWEFIHL SLL FTSPKPGFPL LKPAVISQLE GGSELGGSSP LAAGTGLQGS 60
 QTDIQTNDL TKEMYEGKEN VSFELQRDFS QETDFSEASL LEKQQEVHSA GNIKKEKSNT120
 IDGTVKDETS PVEECFFSQS SNSYQCHTIT GEQPSGCTGL GKSISFDTKL VKHEIINSEE180
 RPFKCEELVE PFRCDSQLIQ PSREQH 206

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

30

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

50

SPSRSPVVFA GEFLFKHPFV EESLMSVFHP DLQLMNPKEI STKFRYSVF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

55

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

KEINNYTRKE KNFKYLQPSST PITPQILGPK KFH

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

KFSSKDDRTS RRRSIIIPER KKILSIYNPL PLSPPKYWAQ KNST

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

RIRRSALIFS KGVQRWRRVF GRRVSPGSGN TESEASDYRK KQGTSKVFGR RVLKKIQ

57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

20

GTLEFTVVTG FALCVPAAGT YPPSENPPPS LYTLGKDQCR TDPD

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

25

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

NLYPTLEFNP SHFVVELTGF FSTPFFRTPL RYLVFYGSHW LRSLCSRCRD LPAFRKPAAI60
SVHPWKRSVQ NAGS

74

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

50

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

GAGEPLNQPE TRWSHVKQLS WCGGTEVDQH WSLQPPGSLW CN

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

STGNTCQFSC TTGYQGAEST SAGLPLYLHT RTAASRGTTG SPVGSVAPQH

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

APATPASSVA PQATRGLKGP VLVLCTSTP GQLLHVGPFG LRLVQWLPST

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- (A) LÄNGE: 183 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

AAVAFGAKGT SPAEARSSRG IEEAGPRAHG RAGREPERRR SRQRRGGGLQ ARRSTLLKTC 60
ARARATAPGA MKMVAPWTRF YSNSCCLCCH VRTGTILLGV WYLIINAVVL LILLSALADP120
DQYNFSSSEL GGDFFEMDDA NMCIAIAISL LMILICAMAT YGAYKQRAAG SSHSSVTRSL180
TLP 183

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

CQHVVHCHCDF SSHDPDMCYG YLRVQATRS WIIPFFCYQI FDFALNMLVA ITVLIYPNSI 60
QEYIRQLPPN FPYRDDVMSV NPTCLVLIIL LFISIILTFK GYLISCWNC YRYINGRNS120
DVLVYVTSND TTVLLPPYDD ATVNGAAKEP PPPYVSA 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

GKGIQDMRGF CPMGSPALQH TGSFSAISIGL GKGQLCLCAV V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

TNASTGTTCV LQSRGPHGTG SPHVLDPLS

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

PLPRPMLALG LPVCCRAGDP MGQGPLMSWI PF

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

| | | |
|---|----|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | |
| (vi) HERKUNFT: | | 5 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | |
| : | | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248: | | 10 |
| GKGIQGMGRP CAMGSPAVQQ KGSPSASIGL GKGQLCLCAI V | 41 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249: | | 15 |
| (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren | | |
| (B) TYP: Protein | | |
| (C) STRANG: einzel | | 20 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | 25 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | |
| (vi) HERKUNFT: | | 30 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | |
| : | | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249: | | 35 |
| HWDYLFVEQQ GTPWHRVPSS PGSPF | 25 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250: | | 40 |
| (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren | | |
| (B) TYP: Protein ^A | A | |
| (C) STRANG: einzel | | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | 45 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 50 |
| (vi) HERKUNFT: | | 55 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | |
| : | | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250: | | 60 |
| TNASTGTTFLLNSRGPHTG SPHPLDPLS | 29 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251: | | 65 |

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

ATKTVPRQRW SPPHCPRPNP SINLLRCGWG NRGKTEAPDA FSLCASSAID CPDVQRETH60
RFAHENWGAD GQADRLCLFS E 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

GVDGETEAKL RHLMHSAACCA AVPLTALMFR EKRTQGLPMR IGEQMAKQIG YVCFLSDEVR60
KPCGSGGHLW FILFPYPWLL EMVTFRTVQL HLSEHYC 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

LEILGIFSRV SKLSSSPTDT HPSSQIGVAI LGGRVVYGTP GCLHISQNYF RTIVPKSRVF 60
TGRQNLFSMP VPQLLSQIPI LGSHQLPIPH QTATVPSLSP YCSFKSCSQE RNCH 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

IPSPQGPFCR SYSDPRKCPF PIVVLCLWGL VYPRGNCGEI IGLRVKRALV LEL 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

QVDTLISTRK GLKLQNCQSL DSQTNDFTV TPGID 35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

TKPQRHRTTM GKGHFLGSEY DLQNGPCGLG IYPYAVPWSN A

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PIVNYGCHVL QNPYCPFEVC PSSKIRSYDS TAQHGTLKLT LSSSTFP

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

IMDATFYKIL TAPLKCVLPP RSEAMTQLLN MELS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

KPSLVLPFPK WALLPVTHMT LFGCGCLLNS LEWTSFTKPK PAR

43

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

GSVKVPASPR PGGTSLGVP AAKELSFSPR NGRGQLPRP PGSITLLFF SSPASRGPAS 60
 LSPGGIRLLL PPPHLLPGQ PACPAVMCD KEFMWALKNG DLDEVKDYVA KGEDVNRTE120
 GGRKPLHYAA DCGQLEILEF LLLKGADINA PDKHHITPLL SAVYEGHVSC VKLLLSKGAD180
 KTVKGPDGLT AFEATDNQAI KALLQ 205

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

55

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

TMLVAITVLI YPNFIQEIYIR QTAPNFPYRD DVMSVNLVWV ALLFFCLLAL ILTFKG 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

LCPEQCWLQS LCLFIQTSFR NTYKLLIF PTEMMSQ 38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

HDIISVGKIR SSLPYVFLNE VWINKHSDCN QHCSGQSQRS ANRRMADPAA RC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

RNMSSFSRAP QQWATFARIW YLLDGKMOPP GKLAAMASIR LQGLHKPVYH ALSDCGDHVV 60
IMNTRHIAFS GNKWEQKVYS SHTGYPGGFR QVTAAQLHLR DPVAIVKLAI YGMLPKNLHR120
RTMMERLHLF PDEYIPEDIL KNLVEELPQP RKIPKRLDEY TQEEIDAFPR LWTTPEDYRL180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

VIGYPSRINS EPSPVIYNRP GNNVKLNCMA MGISKADITW ELTDKSHLKA GVQARLYGNR60
FLQPQCSMTH SACHKEGW 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

ATPLCGMLNG SLIPGVVEIC FHTDEPEPLP SDATYPLTPT

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

VGIWQEDHLP QSLGFLNKKE IVFLSWLLRL LKLALPLKYD ISFAVLNLKL VASSVAHFQF 60
LYQASLLSFP LRMGQVCSSG HSVRFSRGFG RGFKGKYSYG RMGSGVKVGD KGGRAKGGVE120
GWGPYLDGRM PGGQ GK 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

LVYPKQGTKE PGKRSQHVKR DTQDTLRDQS GSTPVLLPEC LCVNPCFLQN KRQQRKLLNQ60
NTDPMRNGAC FCDPGELSAR LQELTDGQLL IF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

NLVYTMWLQI YVNVHFEHIY VLWKEMLVTK IRFTLKEEEF YSKHSNLFK CFKIQSIVEK 60
VAVKASTYVK TQKEGSSDKN TAPLLCCFSC SLYTLKHL L SGA 103

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

FIYKQSKVRD IFAVTLA LLS LQSPTSRVQC TSNNSLKTRH LTISVYL VCK VNKKSSIIKE60
LCFYQRSLPS EFLHKLMPSL QL 82

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

65

LMCLNLLRRT FYSATDERDE FALDR

25

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

- 10 (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

KIVFNFWGHN VNKEGNAGME VIGHYM

26

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- 35 (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

HVVPYNFHAC ISFLIHLVSP EVKHYFLIPW LVFYLLSSANS SLKSVAE

47

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 60 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

| | | |
|--|----|----|
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | |
| : | | 5 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274: | | |
| QQHHLPQSLG FLNKKEVVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60 | | |
| SLLSFPIRMD MCCSACHVCN ASCREFGHSI KEKIQ | 95 | 10 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275: | | |
| (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren | | 15 |
| (B) TYP: Protein | | |
| (C) STRANG: einzel | | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | 20 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | |
| | | 25 |
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | |
| : | | 30 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275: | | |
| LLHQYHTSSF YTKPVSSVFP LEWTCVQQRV MSVMLHAESL VIVLKRKYSE VTMSPE | 56 | |
| | | 35 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276: | | |
| (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren | | |
| (B) TYP: Protein | | 40 |
| (C) STRANG: einzel | | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | 45 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | |
| | | 50 |
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | |
| : | | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276: | | 55 |
| HAEQHMSILM GKLRRRLAWYR NWKCGTDEAT NFKERTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTT60 | | |
| SFLLRNPNP | 69 | 60 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277: | | |
| (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren | | 65 |

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

YILEISPLKP SLAPTSCGIM PQGFPPHFCN PRYPSLSTPS QTPTPGIARE DFGLANCVGY60
VSVVLIRDVH DCQSAFLTSV TTLIRCNSQ KKTFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

PTQFARPKSS RAIPGVGVWD GVDNEGylGL QKWGGNPWGI SPQEVGASDG FRGDISNIYQ 60
PWALSPCCSQ HGPHTSSLRL TWELVRNAGS PRSIELEAVL TRSPVIFMAQ SSFLRDRCL120
LSAGMRHPWG RCG 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LKQHSNQHNN LLGQSLHGQS LGWESGMGWI MKDTWGCRSG VGIPGASVHR RWGPAMASGV 60
IFPIYISPGH SRPAAHSMVL TPAASALPGS LLEMQDLPDL LS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

SGVITAEMVW PAKSYLFTIL PVTEQVIDLG LKIKQNSLLR P 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

KFQCPLIVLS AHSLAHLFTY CLWLLFFYKG RVESQQRWS GLQSLIYLLS CLSQNKL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

FYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKVEWSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPRSKNKTGF60
FVKTLKRDKK LPTV 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

VYSANEGQNF QFIDGYSAAD ESLCVSHFNF CKQRHRPRTV RGRTSFSSKL PRHNKENSTF60
ISRKPMECSN EEVVNQGSQD GSMGKE 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

DE 198 18 620 A 1

GAELVFLQNC LGIIRKIALL FQGNRWNVQM RKLLIKGSRM DQWVNFWRQ GGAYIHSNPD60
VIWSGQGWK 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

5

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

25

LTSSFEHSI GFLEIKVLFS LLCLGNFEEL LVLPLTVLGL CLCLQKLKWL THKLSSAAE 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

30

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

50

GKEPQPESNS IMVKFPTSS CEWVIRKNEP PKDKNQRQMG SVTGSLSIL NPIEYCGLTK60
CQGGD 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

55

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

FLSFGSSFFL ITHSQDDSVG NLTMIELLSG WGSFPHRKDI LKTKKYLN

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ARNIQSDLEW MIKIQSQTPS VFDFCLLDPH FS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

LKTLRPLLIS GRIPVISLIR YISE

24

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

| | |
|---|----|
| (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 10 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290: | |
| LILSYSEGKK NYSEIYLRL ITGILPDISN GLRVFN | 36 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291: | |
| (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren | 25 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 35 |
| (vi) HERKUNFT: | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | 40 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291: | |
| GFLIKYKLN Y LLLGLTIRIP NTQTPQHKAS | 30 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292: | |
| (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren | 50 |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | 55 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | 60 |
| (vi) HERKUNFT: | 65 |

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

CAKLETGFDF LSYLFAFCAS PSNLVHLSSH SCYFQVKQDI LGVKSLWVFC FYVYKNGFCV60
PFPCYQLIW KLTIM 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

VELSLLFPQL SQLLVNFKEA GHDDSHLLSQ NFGRRRWADS LSPGVQDEPG QYGPTSSLTK60
HPH 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

PPKCLVSLEN NMNETKDEPD YLVTHRRRTS SSGNQILFQA WHIKGKKGSE RRVRYHLKP60
QKIWQKTASK SIR 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

| | | |
|---|----|----|
| (B) TYP: Protein | | |
| (C) STRANG: einzel | | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | 5 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 10 |
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295: | | |
| SGVITAEMVW PAKSYLFTTL PVTEQVIDLG LNITQNPLLR PSQDIRSFQL | 50 | 20 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296: | | |
| (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren | | 25 |
| (B) TYP: Protein | | |
| (C) STRANG: einzel | | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | 30 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 35 |
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | 40 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296: .A | | 45 |
| VLSAHS LAHL FTYCLWLLFF YQARAESSQQ RWSGLQSLIY LLPCLSQNKL | 50 | |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297: | | |
| (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren | | 50 |
| (B) TYP: Protein | | |
| (C) STRANG: einzel | | |
| (D) TOPOLOGIE: linear | | 55 |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | | |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | | 60 |
| (vi) HERKUNFT: | | |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | | 65 |

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

CYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKLERSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPSKHHHTKS60
FVKTLPRHKK LPTA 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

PLGPASSAFG PSGSKSRSEE GRDGTASPGT FKYHPWSPLS SLREWTSQST SSGLSDLLLC 60
LYQPWQGSRI HLVGSGPSQY HWGSNKFLEP QSLGPGSQLI GDGVPFQARA EFGTSGHELE120
GNSVSYELGP WP 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

ESRRGALAGP LSKAGEGRPG WYLNVPGLMS HPFLPHSYSL TLMKARDAG PKGKNVLSVF60
SGFYSLVSLH 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

GVKAREYRED VFTFRACVSG FGHQQRVGV RKEGMGQHPW DVQVPSWSPF SSLREWTSQS 60
TSSGLSDLLL CLYQPWQGSR IHLVGSGPSQ YHWGSNKFLE PQSLGPGSQL IADGVPFKLV120
PARAEFGTSL KGNSVTYELG PWP 143

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

20

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

40

HVALHNYHHN QDPEQFHYHK TPLCYPFLAT PIPSPVPGPW HPFICYVSLQ VLQLTSPKWN60
CCLRILFLC 69

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

PCITTTTTKI QNNSIITRLL CVTPFWPHPS PPLSLAPGTH LSVMYHCERYF N

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

LPPQPRSRTI PLSQDSFVLP LSGHTHPLPC PWPLAPIYLL CITAGTSINI T

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- (A) LÄNGE: 408 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

FANWEFMGTE QLQPQLPSPK VWSCRGCRCQ PTKFNQVSRM QTPAPVSRRV GLAVSLTPPP 60
 SGQSGPSVMG KAAACPATPA SAPSQGLSFG GVPSCWPGSP LLHLIGGRQL LDLCPGCGRS120
 LPFSSSSSSS VSNDAPDGP RGLGCFGGVV LGGRGFKYLL YFLFVAATQQ ILLGRASAF180
 LKRDVGD?LV VAPAFFAVAG HLHQAVALPG VRVRVRDQET MQVSGLGAL GLGRLSQELR240
 QALHARH?HD VDVVVTAEGL DEREVDLQGD VILLLLVNGQ EAEDHAVVWH IHQLGRLVHP300
 HCEAILALSG HQKLLHRGHH RLHLLRRVVA RHELFQRHVA IIIHSGCGST AVPREKLQNP360
 SQRAQNLPTL LERSKTFGK QRNPSRKGGK IYCKVLGEDN PGSCGNQR 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSLLLGVVSM VWPHLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60
ARQGWGGWCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHPCW SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120
PSCLACLPCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPO TTVWLQPIR 169

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

25

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRAWGL 60
LGGAGCWWEH GHRAWLVFPA SLLLLTLCLS LLSWPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

50

- (A) LÄNGE: 472 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

SESLTHPGEE PGGPPPGGAP TMTATPLVAGP AALRFAAAAS WQVVRGRCVE HFPRVLEFLR 60
SLRAVAPGLV RYRHHHERLCM GLKAKVVVEL ILQGRPWAQV LKALNHHFPE SGPIVRDPKA120
TKQDLRKILE AQETFYQQVK QLSEAPVDLA SKLQELEQEY GEPFLAAMEK LLFEYLCQLE180
KALPTPQAQQ LQDVLSWMQP GVSITSSLAW RQYGVDMGWL LPECSVTDSV NLAEPMEQNP240
PQQQLALHN PLPKAKPGTH LPQGPSSRTH PEPLAGRHFN LAPLGRRRVQ SQWASTRGGH300
KERPTVMLFP FRNLGSPTQV ISKPESKEEH AIYTADLAMG TRAASTGKSK SPCQTLGGRA360
LKENPVDLPA TEQKENCLDC YMDPLRLSL PPRARKPVC PSLCSSVITI GDLVLDSDDEE420
ENGQEGEKES LENYQKTKFD TLIPTLCEYL PPSGHGAIPV SSCDCRDSSR PL 472

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

PGFALRGAIG PREGRGGGRG YRRSSGRQPL VSWQRQARCG SGGAMSFCSF FGGEVFQNHF 60
EPGVYVCAKC GYELFSSRSK YAHSSPWPAF TETIHADSV KRPEHNRSEA LKVSCGKCGN120
GLGHEFLNDG PKPGQSRF 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

SYGATAAFLS RSEASYFRD CETGFRFLPS WTRGQGCAPS ACLPSRSQTI PTLAGLEGFD 60
QSGSCSDQGG GGWQGRPPFP FCLLSSLGDV GLSFGEDSL SWNWSQGRV QRQGQEKVVR120
V 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

SEQGAKSADS VAAQPRPVPA EGMNHQQMSL FSKKRKGLVQ SRGLGSVLMF QPLRPAFLSR 60
RPGFQLQGGM ANVWPQCGGR LGWVWAARLV TLGGRSFFAF RDKLQRAAEY SESGLPRLGA120
VVQELVAQPI ATLATGHLQG FRSIVLRTLQ HAVGVNGLGE RRPWRRVCIL RAAGEQLIAT180
LGTHVNARFK VILENLAPPEE AAERHGATGT AARLPLPTDQ RLPTRRPPVP ASTSPPLPRT240
NRSPEGESR 249

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

LGSSWIFVNL TVRFCILGKE SFYDTFHTVA DMMYFCQMLA VVETINAAIG VTTSPVLP SL 60
IQLLGRNFIL FIIFGTMEEM QNKAVVFFVF YLWSAIEIFR YSFYMLTCID MDWKVLTWLR120
YTLWIPLYEL GCLAEAVSVI QSIPIFNETG RFSFTLPYPV KIKVRFSEFL QIYLIMIFLG180
LYINFRHLYK QRRRRYGQKK KKI H 204

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

60

65

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

```
RISGCSPRSS CCFQCPTADR FKKPTEQQQN EVFLRSIQKC TVPPLTRTST QVNGLSQCRR 60
WKAATFYVCA QPYSLEVCLA YNSSLSSKA VHCYCQFDLH TVFPLDPCYH LDLVCVCVYV120
CLCVCGLVWF ETGSCTVTPG CSAVAQSRLT AALTS 155
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

```
AVMDQVMQFV EPSRQFVKDS IRLVKRCTKP DRKEFQKIAM ATAIGFAIMG FIGFFVKLIH60
IPINNIIVGG 70
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

FRNRKHLERK KKNPQNIQAN LYSVSFSHPH TCSPISKMKN SLPKCIQPPT MMLLIGIWIN 60
FTKKPMNPPII ANPIAVAMAI FWNSFLSGLV HLLTSRMESF TNCRLGSTNC IT 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

DEKLSSKMY S ATNNDVINRN MDQFHKEANE SHYSKSYCCC HGNLLEFFSI RFSASENQPN 60
GVLYKLPTWL NKLHYLIHDC LPNRHLKCQG HVALELADGG PPEPESGFLP 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

GSSEGSYSSQ TETCPLTPSL VTGSMFAQNF LRGLSLQKSN LLPECCCLASE NLTLSPFSVN 60
GHRCAQGSSE TSESRAQWHG VALVVRKVIG QLYCKRNKYV VQFCKCQVCS VVL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

GKRGQLWSLN LLAPCAGYKT RWSKIALTP NPNAVQDLGA TQPVVIWCWF PFFVCLLVSK 60
IALLGTAWKV QAFLLARSL ASSPCLHSVP KEDFCSTLWS 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

SQIISNLVDN YSIQELMFSE TVINRIFTSG LAGRLGGRKG RVEGWVAHQN GDEPGKTTML 60
LFLYPLKPIS RVLNDAFFVC FLIGSQISFS IKNWGYKPKE T 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 368 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

| | |
|--|--------|
| WWRLNNKSAK VRQQAADLIS RTAVVMKTCQ EEKLMGHLGV VLYEYLGEEY PEVLGSILGA 60 | |
| LKAIVNVIGM HKMTPPIKDL LPRLTPILKN RHEKVQENCI DLVGRIADRG AEYVSAREWM120 | 5 |
| RICFELLELL KAHKKAIRRA TVNTFGYIAK AIGPHDVLAT LLNNLKVQER QNRVCTTVAI180 | |
| AIVAETCSPF TVLPALMNEY RVPELNVQNG VLKSLSFLE YIGEMGKDYI YAVTPLLEDA240 | |
| LMDRDLVHRQ TASAVVQHMS LGVYGFQCED SLNHLNLYVW PNVFETSPHV IQAVMGALEG300 | |
| LRVAIGPCRM LQYCLQGLFH PARKVRDVYW KIYNSIYIGS QDALIAHYPR IYDDKNHLI360 | |
| IRLMNLGL | 368 10 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren 15
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear 20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja. 25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH 30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

| | |
|---|-----|
| YPFFTLQQRN RVFDISSYVK EMLQVNCFK LKLPKRPRY IYLVYIMFN ICQSILQVCS 60 | 35 |
| FISIKYGYV AQLLKWYICV YICTPNNIVC TFCFLYCICA GFFRLYQCNL CLLRYVQKMS120 | |
| I | 121 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren 40
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear 45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH 55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

| | |
|--|----|
| FFFFFFFF HSNVYFFFFFF FFFFGKNVI YLHCFHSSTV VLGLNISITL LFPIYILLEY 60 | |
| YYKYNIQFKK TYGETQLMFF SPLYRLLSII RLQWKFIWTF SVHILKGRDY TDKA 114 | 60 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

```

EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEGL TDFSDTFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60
RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120
KVIEDRDHYI PNTLNPVFGR MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180
FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIRYGGRD240
YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGKLQMWV300
DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYLRVII WNTKDVILDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360
EENKQKTDVH YRSLDGEGNF NWRVFPFDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIPPRLI420
IQIWDNDKFS LDDYLGFELE DLRHTIIPAK SPEKCRDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480
SMKGWWPCYA EKDGARVMAG KVENTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540
SELFWTNPCK TMKFIVWRRF KWWIIGLLFL LILLLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

```

IRRDKAYLTF KWRDDENPLI QSFRTKRQSS DKSMTWMKCP TGALDIFNFC DYVKEVDFTD60
NGAEANISKR NPNEFP 76
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

FFLYSFSSDN HDFSFKTIY LAFVSGGELA ISLLKPAIIV NLRTGLSWGSG EGKELFEQMC60
VGGTGFHPTA KLVLEISFY NTKISLCQRF 90

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

20

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

40

TRSLLYFHMFLILWEEVGIPFTNVGFCSII CKVHLFHIIA EIKDVQGPCR AFHPCHTLIR60

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

45

(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

65

IRNEKKGCVL SVGEMELVLV VLEQDRHLVL MLNSFVIVEH RG

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

ATCSDNRSKI FQLENLECYV LLEPAICMYR INNFYSEGOV ILRQSQWIK

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

PKGVVVNPGA LLSQRTTASE LSACPAPTLP GPVPSHLLIR HSLSSHSL

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ISEVAVNFSV LLLASVCLPI DTHYTNVPSK CSLHICFHCV PTGAMKCVRS PSSGGMSAAL 60
TTAIRIVLCG IFIYINFICT VISLFICQVT ICKSYTHKLL 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

EAQKWICWT KNYKVVQSLV SRMQALALGD GSSLENAAAD SLFQRRSFER RVCYISFFTV 60
TLWRLKDLVV SCFLKITGIW RPKVPFWTDI SSKYFFIKVF EGDDFLDLWL DILGFDPYIV120
LS 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

ENWASRYFQS SFTEQKVWVG HWLEGDSPTL TVTIWAATGG IVQLASRCIP HLKVCWIKAI 60
YTLAKSKAKE IALDPESQQD HLIFPNQHLG QQLPSTFLFH SWFFFFFLLQ DLAVTQDGVQ120
WHDH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LNVDLLITRR LCEKIYVYIY MICRSHFFYQ ALFSLQSHSL TVCNSWFMLM IDKYPVEVTF60
SNYHCNDNLS HUYTCNFLAS FP 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

RLVKYKNSLN REKASQVFPL KVKYGTFFHN KVNDFKNLTF FRRKKKTSYE PSLVNHLVYK60
IFPLEKKCFC KILRSHEIMP WS 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

| | |
|---|----|
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: | 5 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334: | 10 |
| KLEYIMSTAN CSFCLILTDY AFPQRSSRSH IYRHIYGSL KEKTISSIM IYHCAINQKN60 | |
| QVRNTIKTTL KGKNF | 75 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335: | 15 |
| (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | 20 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 25 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: | 30 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335: | 35 |
| NEYCSWSTCI KQKTCQLLGA NTQNLVPVFF FELTTIVYTF LKIKFVTKSP MSFTCIYDHQ60 | |
| MVIRATYVNA CL | 72 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336: | 40 |
| (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren | |
| (B) TYP: Protein | |
| (C) STRANG: einzel | 45 |
| (D) TOPOLOGIE: linear | |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF | 50 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja | |
| (vi) HERKUNFT: | 55 |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH | |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336: | 60 |
| THNTSTITAY RKLQSTLQAS KVHSAQSPW RGRDLKVLMS SYFTCFLLST QCKMNFHSL60 | |
| YFRLKIDSFL VLTTLLEGTV VPGKRSRFTV PNH | 93 |
| | 65 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

LGPRGEIEVY LAKSLAEKLY LCQYPVRPAS MTYDDIPHL S AKIKPKQKV ELEMAIDTLN60
PNYCRSKGEQ IALNVDGACA DETSTYSSKL MDKQTFCSS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

GKSRRSACPS ASRNTCWSRR RRPRPRSAQS APLCCGNSWG SGCRWPSQAL PSAAWA 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

GRAEGLLVHQ LRGIRAGLVG AGPVHVQRNL LPFAAAIVGV QGVDGHLKLY LLLLGLDLG 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

QPSSLHHHCP YPPPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAASLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60
TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRAA EPQERGEPA GDRRPLPEWG RVSLAESPGA120
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEEAAL CPAPGSH 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 260 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

NHSCWQGPQL MPASSPFLA PKGPPGNMGG PVREPALSA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60
QQTQLSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120
QKKQHSVLHL VPINATSKDD SDVTEVMWQP ALRRGRGLQA QGYGVRIQDA GYLLYSQVL180
FQDVTFTMGQ VVSREGQGRQ ETLFR CIRSM PSHPDRAVNS CYSAGVFHLH QGDILSVIIP240
RARA KLNLS P HGTFLGFVKL 260

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

```
TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESSLEVALM GTRCRTECCF FCFWVSTALL 60
FRDLSPLSQA SRASELCSSG LCQGYPSFPW EGPPVPCSL TSLRLCSSV CWVSRAMAQA120
TAPRAAPQLN QRATESAGSL TGPPMLPGGP LGASKKGDEA GMSWGPCQQL WFQEWGSKEV180
AGRVRVRAVV QKGRLLRKE K 201
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

```
GRRSRMEIPV PVQPSWLRR SAPLPGLSAP GRLFDQRFGE GLLEAELAAL CPTTLAPYYL 60
RAPSVLPVA QVPTDPGHFS VLLDVKHFSP EEIIVKVVGE HVEVHARHEE RPDEHGFVAR120
EFHRRYRLPP GVDPAAVTSA LSPEGVLSIQ AAPASQAAPP PAAAK 165
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

TALAQPOASQ AQSPHPPNVL DCTDLPLQTI QAWFPRPDPS PATRQSTTAP SSPFSVAVKPQ 60
PATPDSGTLF RLPQLLDTRP TRTPNTKLYR LSHPNLPRLC TDVLGPLPNS NQTPSP 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

DIRAESGEVG VGESVQFGVG CSSWPGVQEL GQSKKGSRVW CGWLGFHGRK WAGGGSCRLS 60
GCRGRIGSWE PGLDGLEWEV CAVQDVWVG GLCLTGLGLG QGCLHNNLVS K 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

RTEEEKKKKE KNQOPQLPTP KCWSFYVKGR IPGYGHGVYK YVGRFSANSE PTV

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

NELKWTNRAE LSVGWQSWKP AFPASHQLNE VSMISQLRLF EKNNHAFLNP N

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

- (A) LÄNGE: 15 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY 60
YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMKGKLCR GAELSLCFSF FPLLLPLHTP VAGRNLGFPE120
SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLLFSEWAV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

RSFLTRSVIK LPKRKTRGET SPGPWAFPLG GVRRVGPPSF QGSRGSFQPR GCEGEGVEEK 60
RRNRERAQRL DTDTFPSPGP PAVLAQASSH CHLCVQEIHN KKKSKTKPKP KQNPKGKDLG120
QWNEEGRRG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK 60
TWNGMRKRG GEEGRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAC VALARHVVFG GRPLIHPVEI120
LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

DE 198 18 620 A 1

TLTAHEGRGG KCTEEDASQ QEGCTLGSDP ICLSE3QVSE EQEEMGCQSS AAQATASVNA 60
EEIKVARIHE CQWVVEDAPN PDVLLSHKDD VKEG2GGQ2S FFELPSEL 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

KFFGNSLHAT PKCTPITLWL FSEKDFSQIV PFTPLRAALG NSPDHLLPPS RHLCVTAGHP60
GLEHPPPPTD THEYGLP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

- (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

TYSIHLHSQT KLKSLKVHKK IAQLKSÄEYT QNCHPTVFSV FPAILFPPQT SSAPSHPKYA 60
IVFVILIKIL KQKFIVEQFM STKVCLSCSC PVCISSGFII QIKKILKNFL VTACMQPLSV120
PL 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

- (A) LÄNGE: 457 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

PVCEPLSCGS PPSVANAVAT GEHTYESEV KLRCLEGYTM DTDFTFTCQ KDGRWFPERI 60
SCSPKKCPLP ENITHILVHG DDFSVMRQVS VSCAEGYTFE GVNISVCQLD GTWEPPFSDE120
SCSPVSCGKP ESPEHGFVVG SKYTFESTII YQCEPGYELE GNRERVCOEN RQWSGGVAIC180
KETRCETPLE FLNGKADIEN RTTGPNVVYS CNRGYSLEGP SEAHCTENGT WSHVPVLPCKP240
NPCVPFVIP ENALLSEKEF YVDQNVSIKC REGFLQGHG IITCNPDETW TQTSKCEKI300
SCGPPAHVEN AIARGVHYQY GDMITYSCYS GYMLEGFLRS VCLENGTWTS PPICRAVCRF360
PCQNGGICQR PNACSCPEGW MGRLECEPIC ILPCLNGGRC VAPYQCDCPP GWTGSRCHTA420
VCQSPCLNGG KCVRPNRCHC LSSWTGHNC S RKRRTGF 457

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

25

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

45

GVRAASKEIE ELRRAHREGT SRAVTGEGPA AGRMTVPKQT QTPDLLPEAL EAQVLPFRQP 60
RVLQVQAQVQ SQTQPRIPST DTQVQPKLQK QAQTQTSPEH LVLQKQVQVQ QLQQAEPQK120
QVQVQVQVQA HSQGPQVQVQ QQAEPKQV QPQVQVQAHF TAPRAGAAAA EEAGPDTDFS180
TGAHTGHSQA SRHRELLPGA VFSFRPPGAG 210

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

55

(A) LÄNGE: 292 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

```
GRAGRRTMF  SQQQQQQLQQ  QQQQLQQLOQ  QQLQQQQLOQ  QQLLQLQQLL  QQSPPQARCH  60
GVSGGPPQQP  QQPLLNLQGT  NSASLLNGSM  RQRALLLQQL  QGLDQFAMPP  ATYDTAGLTM120
PTATLGNLRG  YGMASPGLA  PSLTPPQLAT  PNLQQFFPQA  TRQSLLGPPP  VGVPMPNPSQF180
NLSGRNPQKQ  ARTSSSTPN  RKDSSSQTMP  VEDKSDPPEG  SEEAAPRMD  TPEDQDLPPC240
PEDIAKEKRT  PAPEPEPCEA  SELPAKRLRS  SEEPTEKEPP  GOLQVKAQPQ  AG  292
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

```
PRRLPSVAVG  MVRPAVSIVA  GGIANWSSPC  NCCKSKALCR  MEPLRREAEL  VPWRFRSGCC  60
GCCGGPPLTP  WQRACGGDCW  SSCWSCSNCC  CCNCCCWSCC  CCNCWSCCCC  CWSCCCCWL120
NMVARLPARP  QRSSRPBGWA  GPAAPTTPRG  GSGPRAPGLP  AATPGPVGS  169
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

DE 198 18 620 A 1

ISKTKKYCGS PSSRIRLEGG HLEMRKARGG DHVPVSHEQP RGGEDAAAQE PRQRFEPGLG 60
LKRAVPGGQR PDNAKPNRDL KLQAGSDLRR RRRCLCPHAE GQLAFRDGVI IGLNPLPDVQ120
VNDLRGALDA QLRQAAGGAL QVVHSRQLRQ APGPPEES 158

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 359:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

QSLRTLNLKN KKVLIWISLEP NSARGRSPGD EKGPRGGPCA CVPRAAERRG GRCCPGAQAE 60
ARAPAGAOTS CPGGPEAGQC QAQPGPETAG WLRPPEATAG PWPSCRGSGAG PEGWGHWP 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

PPEFGWDAAE TDLLLAEEGS GWRGPHGQOV LGLLWRPRRL SKLPVDHLQ SSPRSLAELG 60
IQGATEVVHL DIRQGVKAND DPIPQGQLTL CMRAKVPPSP PEVGASLQFQ VPVGLGIVRP120
LAPRDSSFEP QLWLWFLPGL LGSSVLPASR LLVGHRHMVP PAGLSHLQVT ALEPNSARGR180
STVLFCF 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGQSRRLIN SHRIQTPGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKM60
TGHPMVMMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

ITKAIVFSFV FSSGYTVEVR ESLILFGAI IKAMQQPKIK HFGSSQDDMS GDRSCGSHSN60
NLMGPPEKTG VNVLSFYMQ ELC 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

DE 198 18 620 A 1

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDASFLI FLKTVCFCGM YICTPNYLAL 60
GNHSTTORQL NKEKENFKYQ VLSNISQTSF FIKGLPANKV HPKYTGKAR LLQGPRV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

SCRFCYMPD MPLTRFWRTF NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60
SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

QYGPSRVEVE MSYRIANTLG SFLPRLAQR QQQQNVEDAM KEMQKPLARY IDDEDLDRML 60
REQEREGDPM ANFIKKNKAK ENKNKKVRPR YSGPAPPPNR FNIWPGYRWD GVDRSNGFEQ120
KRFARLASKK AVEELAYKWS VEDM 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

KPTKHRCCQH PKKYRYLNPN IRSRIFFCGQ NWHSTSCWSV WAPIISTDNC YHWISRLCP 60
LPQPSHPHSL RKVTYPQHSI CRQVPPLPSC WQAWQSASVQ IHWICPLRPS DIQARY 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

SSENPPNTAA VNTPRSTGTS IQTSGLEYSS VVKTGIIQVA GLCGLQLLAQ TTVTTGYLAA 60
YAHYHSPATP TASGKLHILN TPFVGKFLHC LLAGKPGKAL LFKSIGSVHS VPAISRPAIK120
SVGRRCWTTV ARSHFFILVL LGLILLDEVG HRVPLSFLFS 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 227 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

WESMNRWYVK PLETSSSKVK AKTIVMIPDS QKLLRCELES LKSQLQAQTK AFEFLNHSVT 60
MLEKESCLQQ IKIQQLLEVL SPTGRQGEKE EHKWGMEQGR QELYGALTQG LQGLEKTLR0120
SEEMQARATT RCLQLLAQEI RDSKKFLWEE LELVREEVTF IYQKLQAQED EISENLVNIQ180
KMQKTQVKCR KILTKMKQOG HETAACPETE EIPQEPVAAG RMTSRRN 227

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

FIFSLEGSSG RAVPAAQAGG KGGALLLKGG WERSWSESES ESQEGSGGLR HWCPLWPLRL 60
EALGQAPEHK VRLSMEFCST CTADHISLSS FWRSSFQOPL APAVSLQSPD RRLSHDPAAS120
SWSGFCGISP AFSAFSECSF SSLRSHPPAL GASDR 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

DLILLRLELL IDEGHLLPHQ FQLLPQELLA VPDLLGQQLQ AASGAGPLHL LTVTQGLLQP 60
LKALGQGPIQ LLPALLHAPL VLLLLSLAAC GAQHLFKLLN LOLLQAALLL QHGH 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TASTLRAVFP RPASESPPLR ARSDAEDLTA AMSSNECFKC GRSGHWAREC PTGGGRGRGM 60
 RSRGRGFQFV SSSLPDICYR CGESGHLAKD CDLQEDACYN CGRGGHIAKD CKEPKREREQ120
 CCYNCGKPGH LARDCDHADE QKCYSCGEFG HIQKDC TKVK CYRCGETGHV AINCSKTSEV180
 NCYRCGESGH LARECTIEAT A 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

LATAVTVDFT CLAAVDGYMT SFTTPIALHF GAVFLNVSEF STRIAFL LIC MVAVTSQMAW 60
 FATVVAALLS LSLGLLAVLG NVATSTAVIA GILLKITILG KMTRLTTAIT NIWKRRGNKL120
 ETSATASHST TTA STSRTP GPVARSTLE ALIAAHGCSQ IFRVGAGPQR RRLGRRPGED180
 GSQGRGCLF 189

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

- (A) LÄNGE: 316 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

GGDPVVSSSY RSVGCSEQQK PASSDVVLP A TMSYTGfVQg SETTlQSTYS DTSAQPTCDY 60
GYGTWNSGTN RGYEGYGYGY GYGQDNTTNY GYGMA TSHSW EMPSSDTNAN TSASGSASAD120
SVLSRINQRL DMVPHLETDM MQGGVYGSGG ERYDSYESCD SRAVLSErDL YRSGYDYSEL180
DPEMEMAYEG QYDAYRDQFR MRGNDTFGPR AQGWArDARS GRPMAAGYGR MWEDPMGARG240
QCMsGASRLA LPLLPEHHPR VRHVPGACEV GAPsRAASRF GFRVWQWHEA DEgGLGRRGP300
QPICEPRRRR ESRAAF 316

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 200 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

IPAAALLTGSi RMPPCFLEFF LVRKSAVVPV FPVRPHLLHA IAKPENQNGK PPGKAPQPRM 60
PLEHAVLGDD VLGEEGGQAE RHQTCTGPGP PWGLPTCAHS LRPLAGRSgH PGPSFPWDRI20
RCRCHACGTG RGRHRIGPHR PFPSQGQARC SHSLTGTGRA HSGRPSSRRT HKSHTFLHLS180
RTRLASCLS PNAAPYLSAG 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

STSHDCVPQA DAAAYSRTAD GETEARGGRG GADLPASPSP RPRLAPPWPV RSTRGARRRR 60
TARGQAGSSS AMAAQRLLGKR VLSKLQSPSR ARGPGGSPGG LQKRHARVTY KYDRRELQRR120
LDVEKWIDGR LEELYRGMEA DMPDEINIDE LLELESEEER SRKIQGLLKS CGKPVDFIQ180
ELLAKLQGLH RQFGLRQSP SHDGSLSPLQ DRARTAHF 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

NQLKLKQQAG SFSQEGCKGE NILSFLQGN HCPGVPASGR HNLSKVQGML ARKGGILDCC 60
LLSEPSPTPQ PASWCLFSSK LSLPNLSSSE GKRESVPGFS RVGERTGKGT DI 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

VRPEHSLMVL SLDTPTSYLQ FSRRRASGTL GCKPNLGSME ALNPNSQRRS ECIFHHAAAG60
CWPRFCVFSQ PSEITSFLVA VTNSSWTMTK LIYFPI 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

SNRLVASPKK DARVKTFFPS FCREIIALVC QPVVGTTFQK FKGWLEKEV FWIAASSQNP 60
LLPHSLPPGV FFPPNSLYLT SLHQKASGNL FRVSVWEKQ QAKAQIFRRE SSYFWPLHVP120
YSGIVGPDDW HSDSQLWFE NIRGS 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

(A) LÄNGE: 429 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

RQFEITSISV DVWHILEFDY SRLPKQSIGQ FHEGDAYVVK WKFMVSTAVG SRQKGEHSVR 60
AAGKEKCVYF FWQGRHSTVS EKGTSALMTV ELDEERGAQV QVLQKKEPPC FLQCFQGGMV120
VHSGRREEEE ENVQSEWRLY CVRGEVPVEG NLEEVACHCS SLRSRTSMVV LNVNKALIYL180
WHGCKAQHT KEVGRTAANK IKEQCPLEAG LHSSSKVTIH ECDEGSEPLG FWDALGRRDR240
KAYDCMLQDP GSFNFAPRLF ILSSSSGDFE ATEFVYPARA PSVVSSMPFL QEDLYSAPQP300
ALFLVDNHHE VYLWQGWPI ENKITGSARI RWASDRKSAM ETVLOYCKGK NLKKPAPKSY360
LIHAGLEPLT FTNMFPSWEH REDIAEITEM DTEVSNQITL VEDVLAKLCK TIYPLADLLA420
RPLPEGSIL 429

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

DVFHEGDLIG NFRVHLCDSL DVLSVLPAGK HIGECQGLQT SVDKVRLLGW FLEIFSFAYL 60
EHSLSHRTLPV GGPADAGGTS DLVLDGPPAL PEVHLVVIVN KEKCWLGRAV QIFLQEGHGT120
DHRGSGSRVH KLCGCKIPRG AAEDQAGRE VKTSRILKHA IVGFPVSPS 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

(A) LÄNGE: 234 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

GIPSEWLGA FITLVYCDFA ATMQSCFQGT LFLDLVRSGP SDLLRVGLGF ASVPQVDEGL 60
VDVKHHHGSS GPQAATVTGH FQQIPFHGHL STHAVQPPLT LHIFFFLFPP PRVHHHPPL120
TLQETGGLLS LENLDLGPPF LVQLHRHQRR RALLTHGGVP ALPEEVDALL FAGCPHRVLS180
LLATSHCRAH HELPLDHIGI PLMELPDALF GEPAIVEFQD VPDINGNAGD LKLP 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

DE 198 18 620 A 1

RLFAPLRTSW AVVIPGARVA LCFYKIMTYV TCLHVCLLVE FLNSQLTNHR KYYFLSYGFW60
FTGLRGFSEY LWPQHTQFP S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

IVNRTTACTL FEVNLEWKAR DYTLEFKIDIC GAHTIYEIVP SKKEKKKIRR SNLEQHCLIK60
A 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

PPDFFFLFFR GYYFIYCVSP TNVYFKKSIV PGLPFQIHLK ESTCSPVYN LIEMRK 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

- (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

LDSSHCCSCS TALFRTQTTA AAVPRMVIRV YIASSSGSTA IKKKQQDVLG FLEANKIGFE 60
EKDIAANEEN RKWMRENVPE NSRPATGYPL PPQIFNESQY RGDYDAFFEA RENNAVYAFL120
GLTAPPGSKE AEVQAKQQA 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

ETKHILLFLL NRCRARGRCN IYTDHHPGNS GCGCLGPEKG CGAAAAMAGI QLGAETAVGR60
EGWGKVEGEL ARAPPPPLAA STELSKRCSS SPKPR 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

DE 198 18 620 A 1

FCIHFECLHV KTQLIYYFNI KPI3FFAKLI LFFYKSNQDS FFRMLK7QCL RFMLAALLAL60
LLPLNQVGLS SLRRHTLHYF LWLQRRHHSP RDTGFH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

- (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

FIMLNIIILIK FSSFSIRCAI LSSVCLNEAI TFAFLQVFL WNMDKYTMIR KLEGGHHHDVV 60
ACDFSPDGAL LATASYDTRV YIWDPHNGDI LMEFGHLFPP PTPIFAGGAN DRWVRSVSFS120
HDGLHVASLA DDKMVF.FWRI DEDYPVQVAP LSNGLCFAFS TDGSVLAAGT HDGSVYFWAT180
PFQVPSLQHL CFMSIFRVMP TQEVQELPIP SKLLEFLSYR I 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

KGGATCPESP QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNQGMEN EEQPQDERKP EVTCTLEDKK 60
LENEGKTENK GKTGDEMLK DKGKPESEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

RFPYLGFPPLS RPPPSLTLPPL SLTFLLLPLP HSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRLTSC 60
 LPEYKLLLAFL SRLVAVLHFP SFLGLKPFLH FHCVRVPCRD FPSFSCPAGI LDRLLLLFSF120
 AERWEQQTRR PGRSWTKN 138

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 24-127.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1-127, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasennormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 128-390.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann. 5
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 128-390, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor.
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor verwendet werden können. 10
29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 in sense oder antisense Form.
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasen tumors.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen tumor. 15
32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 128-390.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist. 20
35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127.
36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist. 25
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

30

35

40

45

50

55

60

65

- Leerseite -

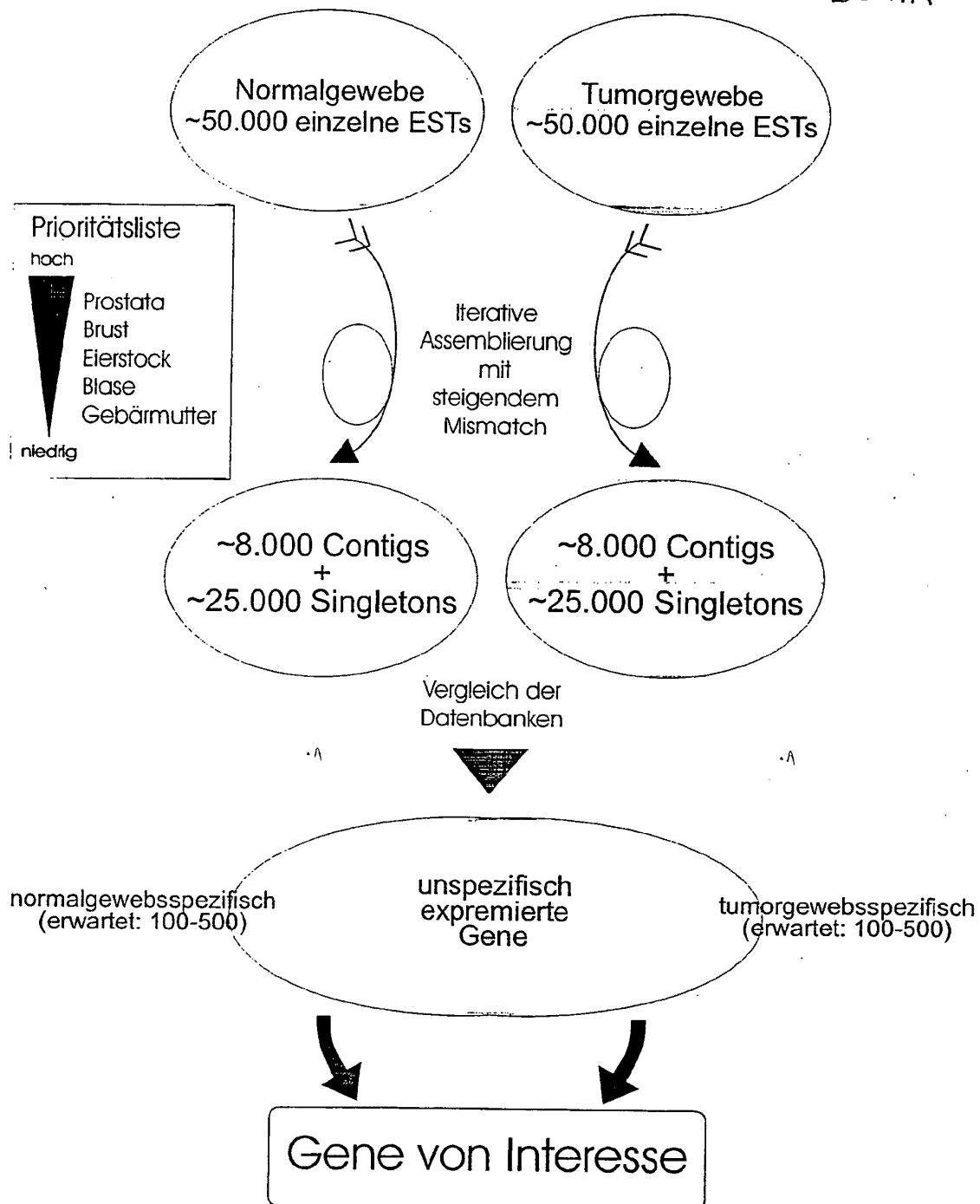
Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Daten-
bank

Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

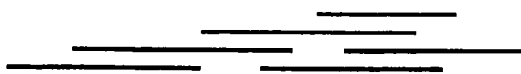
~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)



Contigs



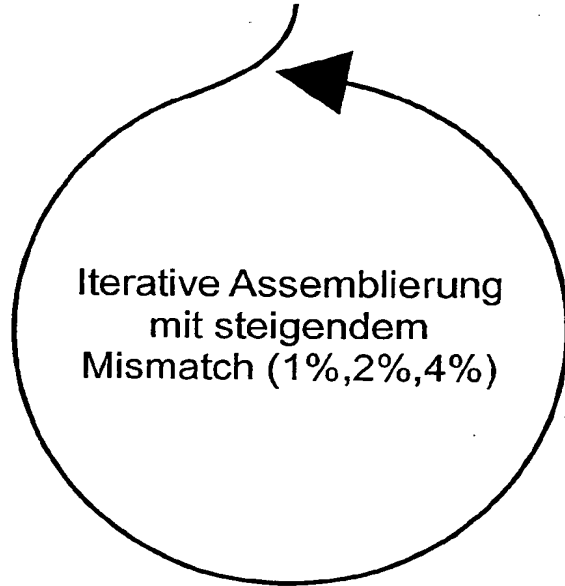
Singletons



In Anzahl und Länge
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung
mit steigendem
Mismatch (1%,2%,4%)



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

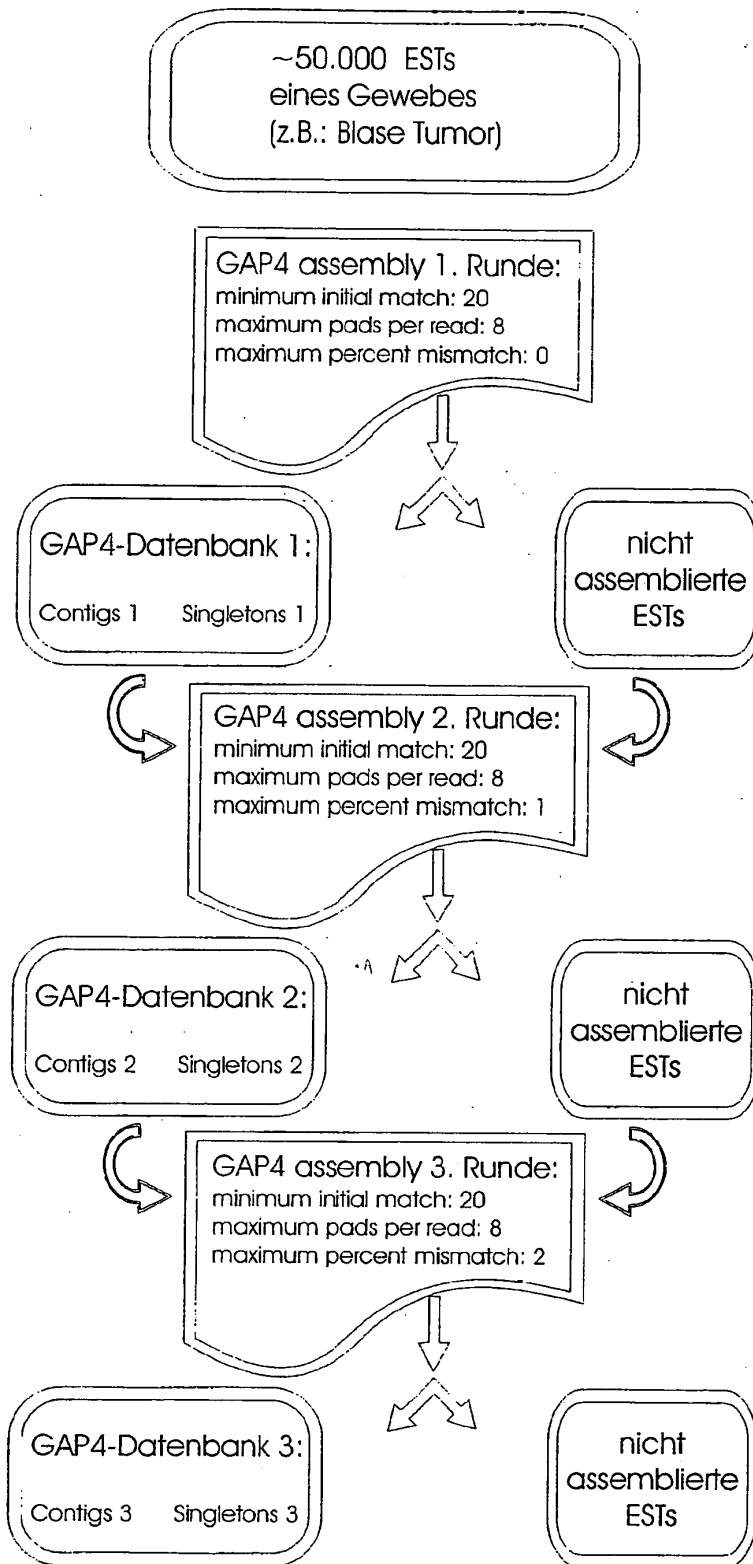


Fig. 2b1

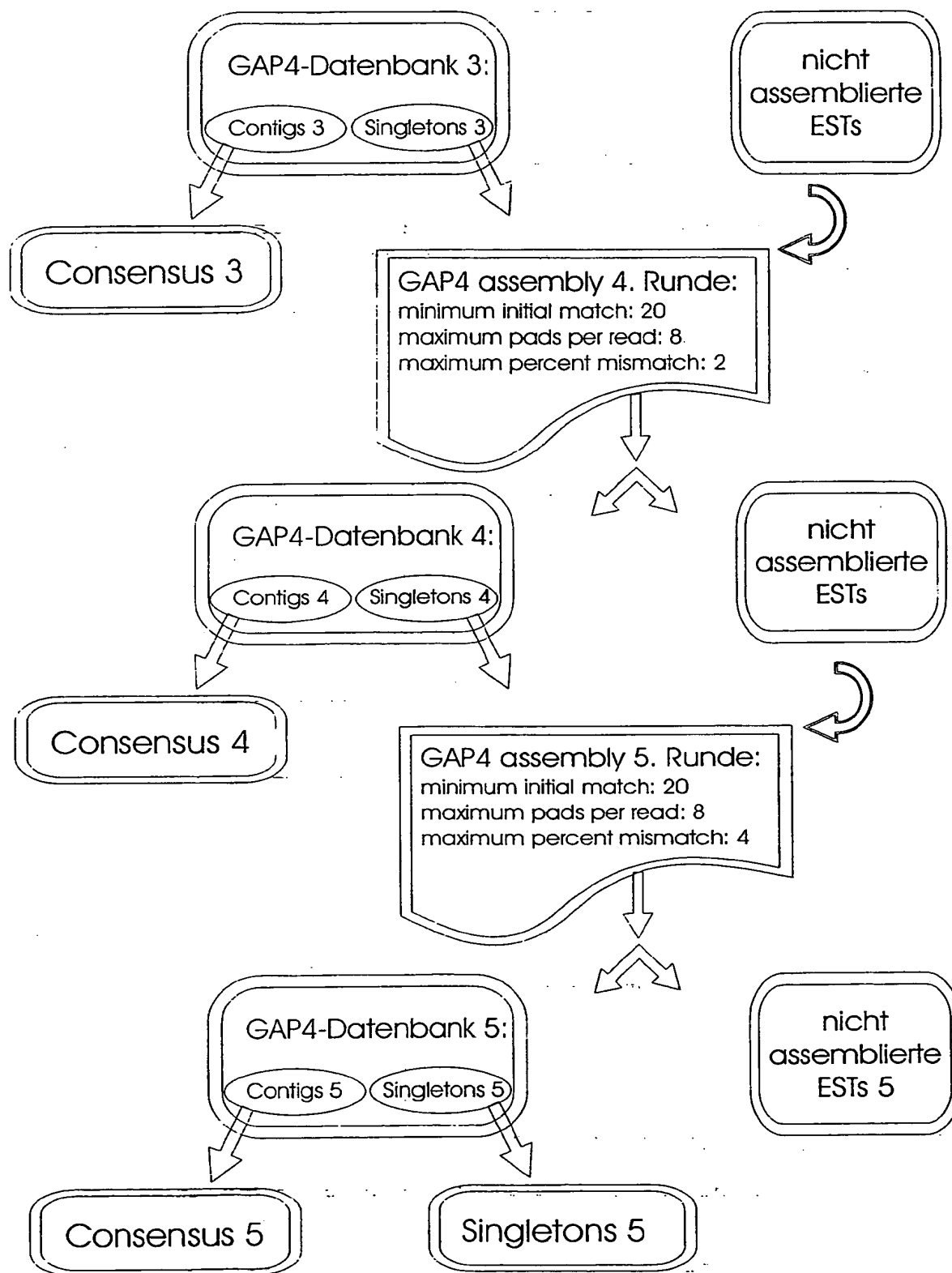


Fig. 2b2

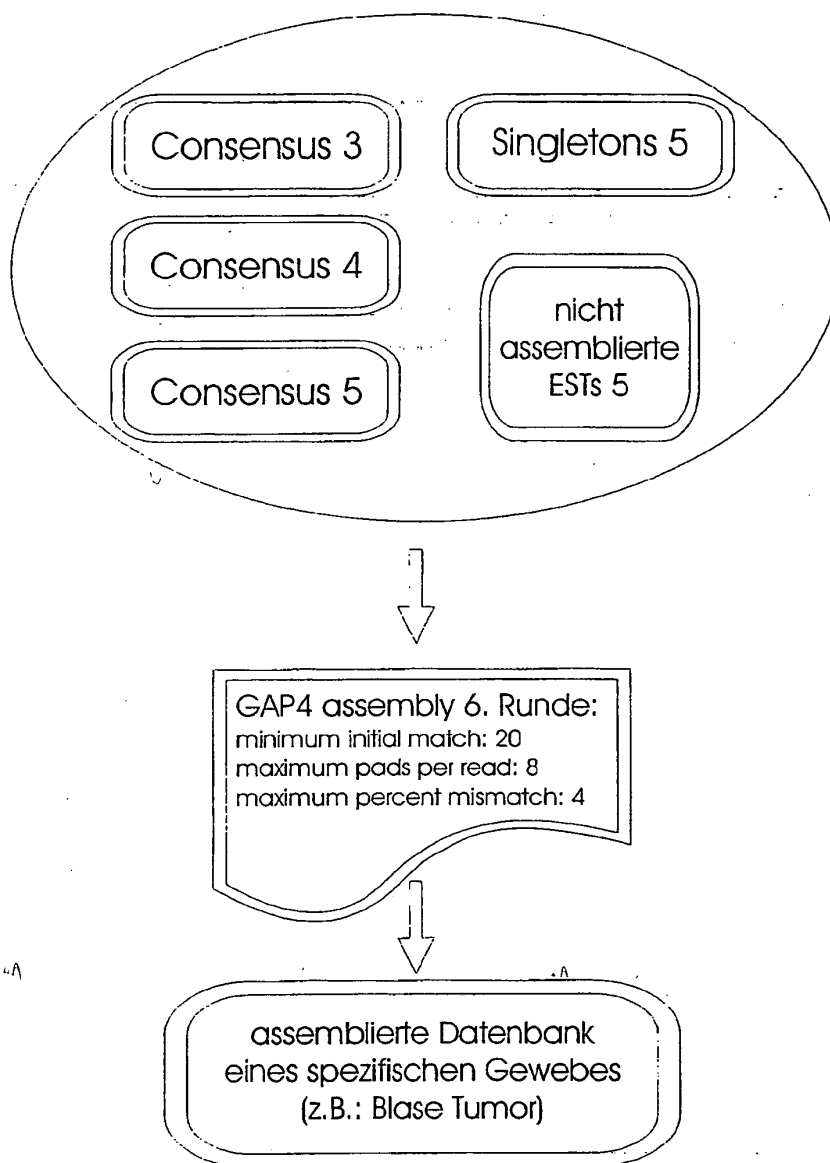


Fig. 2b3

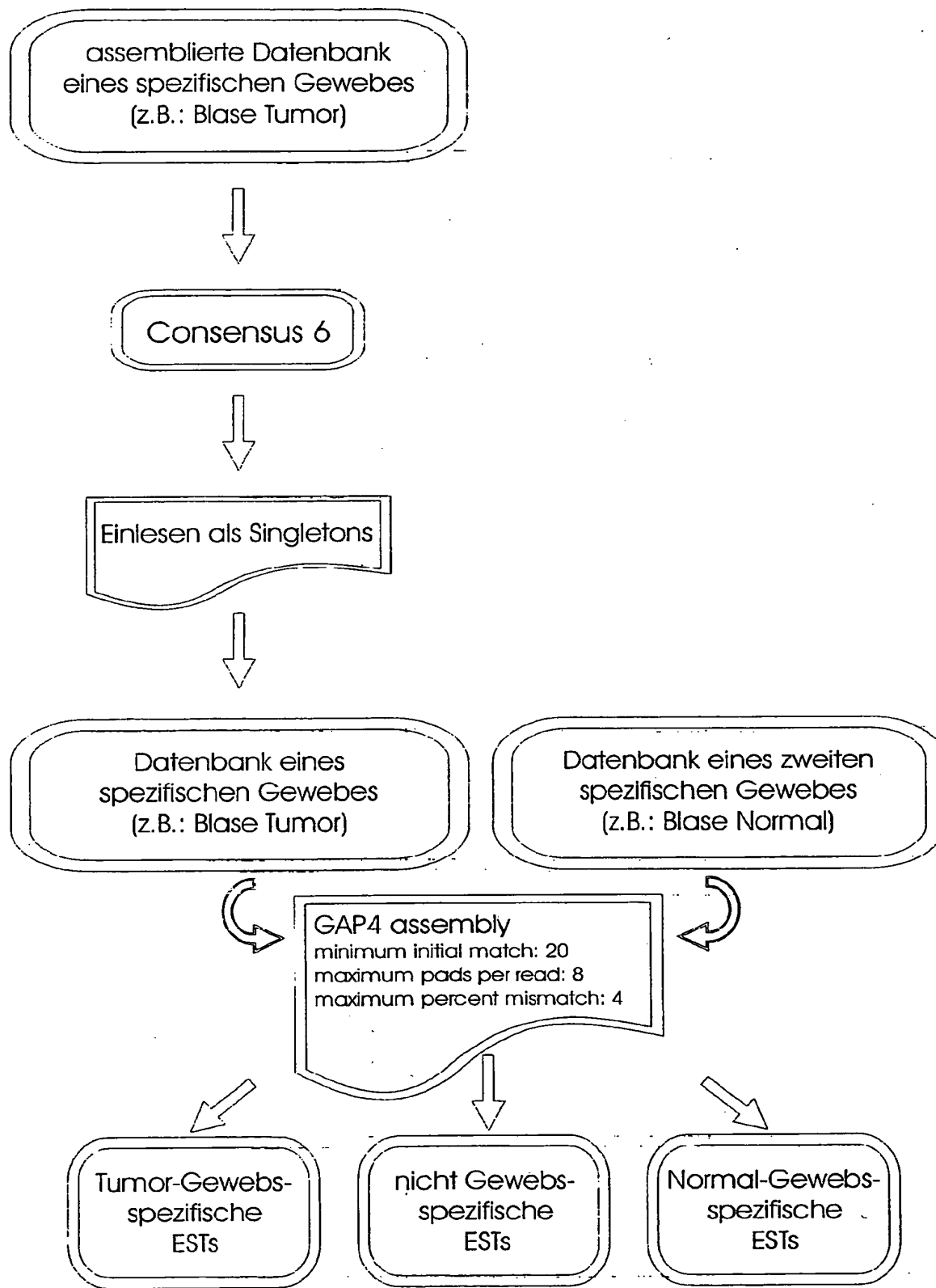


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

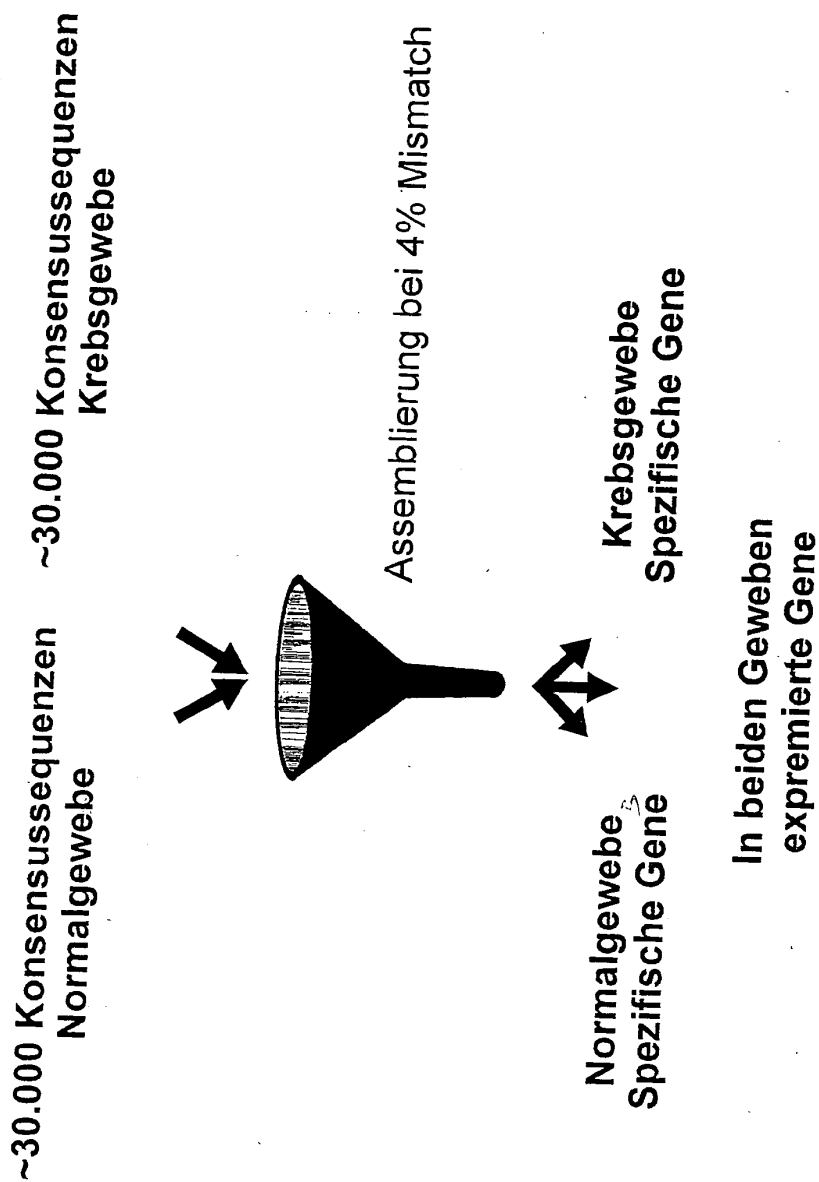
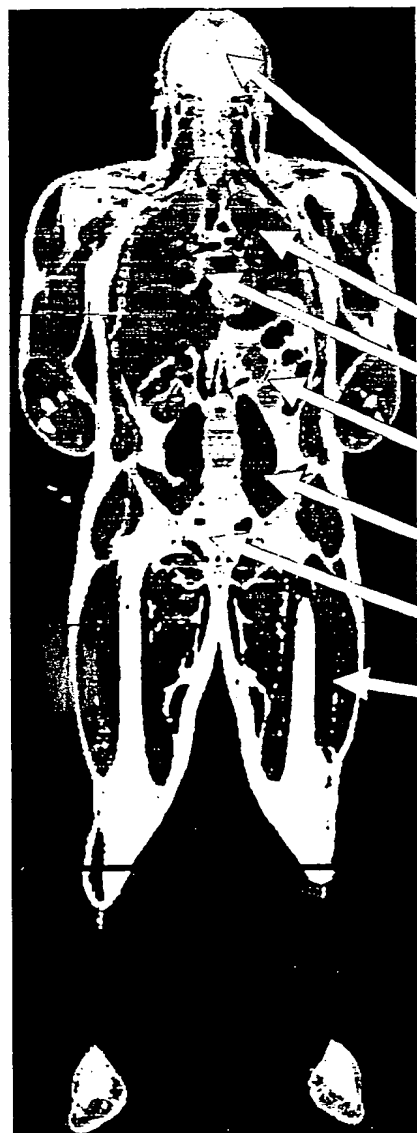


Fig. 3



Gene von Interesse



Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)



Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

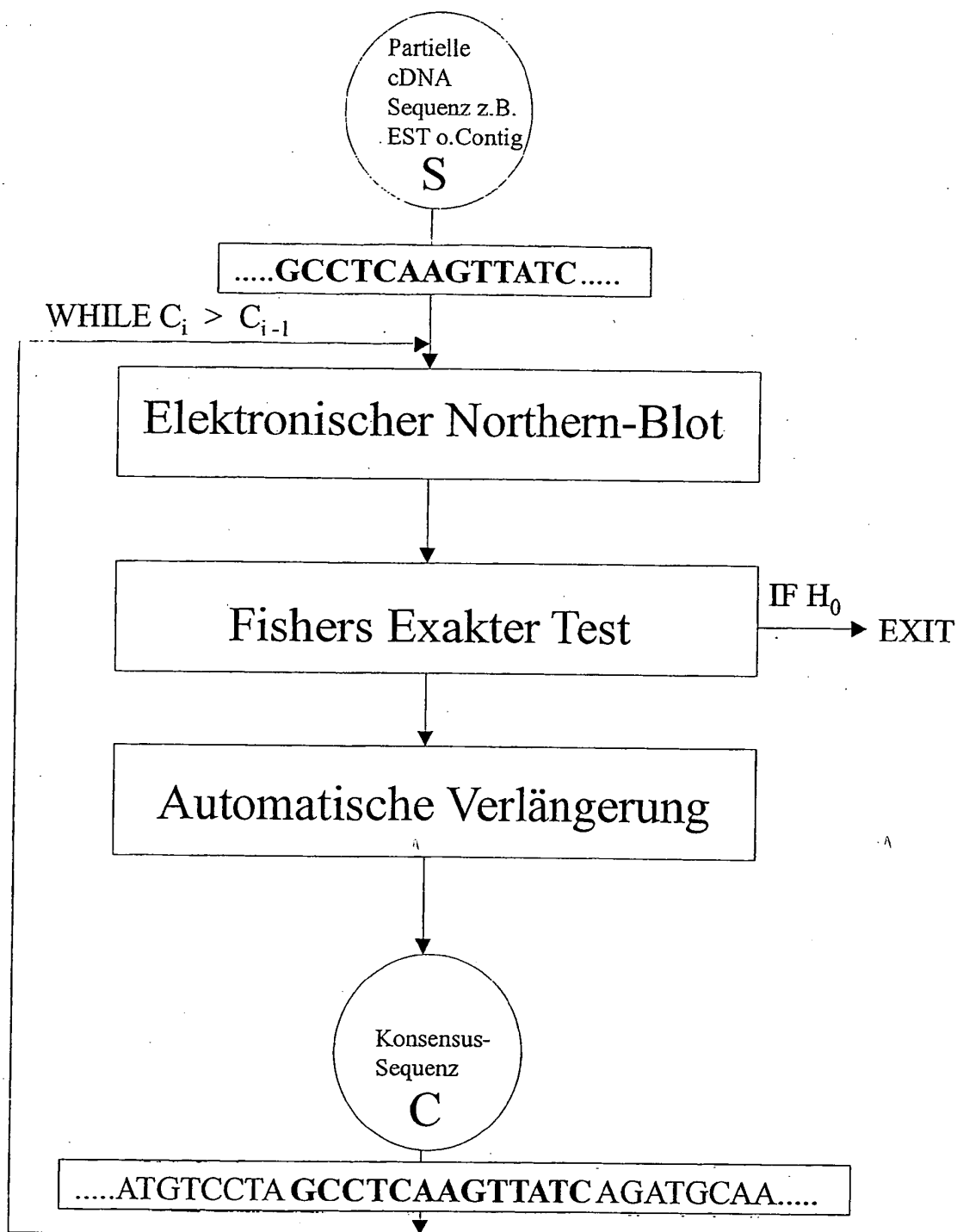


Fig. 4b

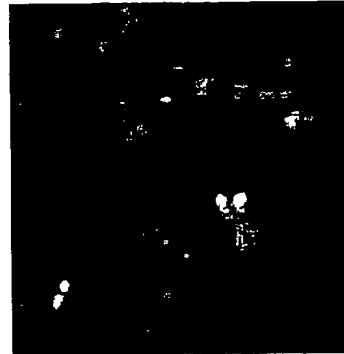
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5